

1 CTCTTACTCT TCAGCCTGAT GTCAAAAGCA AAAGTTCAGA AGTTCCTCAT
51 CAATAAGGAG TCCTTGTGAG CAGGTGAAGC TCATCTAACT AGGCATTTCT
101 ATGATGTGGC TGCTTTTAAC AACAACTTGT TTGATCTGTG GAACTTTAAA
151 TGCTGGTGGA TTCCTTGATT TGGAAAATGA AGTGAATCCT GAGGTGTGGA
201 TGAATACTAG TGAATCATC ATCTACAATG GCTACCCAG TGAAGAGTAT
251 GAAGTCACCA CTGAAGATGG GTATATACTC CTTGTCAACA GAATTCCTTA
301 TGGGCGAACA CATGCTAGGA GCACAGGTCC CCGGCCAGTT GTGTATATGC
351 AGCATGCCCT GTTTGCAGAC AATGCCTACT GGCTTGAGAA TTATGCCAAT
401 GGAAGCCTTG GATTCCTTCT AGCAGATGCA GGTATATGATG TATGGATGGG
451 AAACAGTCGG GGAAACACTT GGTCAAGAAG ACACAAAACA CTCTCAGAGA
501 CAGATGAGAA ATTCTGGGCC TTTAGTTTTG ATGAAATGGC CAAATATGAT
551 CTCCCAGGAG TAATAGACTT CATTGTAAAT AAAACTGGTC AGGAGAAATT
601 GTATTTTATT GGACATTCAC TTGGCACTAC AATAGGGTTT GTAGCCTTTT
651 CCACCATGCC TGAAGTGGCA CAAAGAATCA AAATGAATTT TGCCTTGGGT
701 CCTACGATCT CATTCAAATA TCCCACGGGC ATTTTACCA GGTTTTTCT
751 ACTTCCAAAT TCCATAATCA AGGCTGTTTT TGGTACCAA GGTTTCTTTT
801 TAGAAGATAA GAAAACGAAG ATAGCTTCTA CCAAATCTG CAACAATAAG
851 ATACTCTGGT TGATATGTAG CGAATTTATG TCCTTATGGG CTGGATCCAA
901 CAAGAAAAAT ATGAATCAGA GTCGAATGGA TGTGTATATG TCACATGCTC
951 CCACTGGTTC ATCAGTACAC AACATTCTGC ATATAAAACA GCTTTACCAC
1001 TCTGATGAAT TCAGAGCTTA TGAAGTGGGA AATGACGCTG ATAATATGAA
1051 ACATTACAAT CAGAGTCATC CCCCTATATA TGACCTGACT GCCATGAAAG
1101 TGCCTACTGC TATTTGGGCT GGTGGACATG ATGTCCTCGG AACACCCAG
1151 GATGTGGCCA GGATACTCCC TCAAATCAAG AGTCTTTCAT TAGTGCTAAG
1201 CCTATTGCCA GAATGGGAAC CCACCTTTGA TTTTGTCTGG GGCCTTGATG
1251 CCCCTCAACG GATGTTCACT GGAAATCATA ACCTTTAATG AAGGCATATT
1301 TCCTAAATGC CAATGCATTT TACCTTTTTC AATTTAAAGG TTGGTTTCCA
1351 AAGCCCTTAC
(SEQ ID NO: 1)

FEATURES:

5'UTR: 1 - 100
Start Codon: 101
Stop Codon: 1286
3'UTR: 1289

Homologous proteins:

Top 10 BLAST Hits:

CRA 18000004922653 /altid=gi 7434997 /def=pir G01416 lysosomal...	431	e-120
CRA 18000004903706 /altid=gi 542751 /def=pir S41408 lysosomal ...	430	e-119
CRA 18000004924799 /altid=gi 4557721 /def=ref NP_000226.1 lipa...	428	e-119
CRA 98000043616611 /altid=gi 12844223 /def=dbj BAB26283.1 (AK0...	415	e-115
CRA 98000043617058 /altid=gi 12845127 /def=dbj BAB26629.1 (AK0...	415	e-115
CRA 98000043616593 /altid=gi 12844194 /def=dbj BAB26272.1 (AK0...	414	e-115

FIG.1A

CRA 98000043617174 /altid=gi 12845372 /def=dbj BAB26725.1	(AK0...	414	e-115
CRA 98000043617140 /altid=gi 12845298 /def=dbj BAB26697.1	(AK0...	414	e-115
CRA 98000043617224 /altid=gi 12845477 /def=dbj BAB26766.1	(AK0...	414	e-114
CRA 98000043616955 /altid=gi 12844939 /def=dbj BAB26556.1	(AK0...	414	e-114

EST:

gi 8003062 /dataset=dbest /taxon=960...	62	4e-07
gi 8000757 /dataset=dbest /taxon=960...	54	9e-05

EXPRESSION INFORMATION FOR MODULATORY USE:

gi|8003062 Stomach normal
 gi|8000757 Stomach normal

Tissue expression:

Human leukocyte

FIG.1B

FIG.1B

1 MMWLLLTTC LICGTLNAGG FLDLENEVNP EWMNTSEII IYNGYPSEEY
51 EVTTEDGYIL LVNRIPYGR T HARSTGPRPV VYMQHALFAD NAYWLENYAN
101 GSLGFLLADA GYDWMGNSR GNTWSRRHKT LSETDEKFWA FSFDEMAKYD
151 LPGVIDFIVN KTGQEKLYFI GHSLGTTIGF VAFSTMPELA QRIKMNFALG
201 PTISFKYPTG IFTRFFLLPN SIIKAVFGTK GFFLEDKGTK IASTKICNNK
251 ILWLICSEFM SLWAGSNKKN MNQSRMDVYM SHAPTGSSVH NILHIKQLYH
301 SDEFRAWDWG NDADNMKHYN QSHPPIDLT AMKVPTAIWA GGHDVLGTPQ
351 DVARILPQIK SLSLVLSLLP EWEPTDFFW GLDAPQRMFS GNHNL
(SEQ ID NO: 2)

FEATURES:

Functional domains and key regions:

[1] PDOC00001 PS00001 ASN_GLYCOSYLATION
N-glycosylation site

Number of matches: 5

1	35-38	NTSE
2	100-103	NGSL
3	160-163	NKTG
4	272-275	NQSR
5	320-323	NQSH

[2] PDOC00005 PS00005 PKC_PHOSPHO_SITE
Protein kinase C phosphorylation site

Number of matches: 4

1	125-127	SRR
2	204-206	SFK
3	243-245	STK
4	266-268	SNK

[3] PDOC00006 PS00006 CK2_PHOSPHO_SITE
Casein kinase II phosphorylation site

Number of matches: 8

1	53-56	TTED
2	130-133	TLSE
3	132-135	SETD
4	142-145	SFDE
5	162-165	TGQE
6	185-188	TMPE
7	274-277	SRMD
8	348-351	TPQD

FIG.2A

[4] PDOC00007 PS00007 TYR_PHOSPHO_SITE
 Tyrosine kinase phosphorylation site

161-168 KTGQEKLY

[5] PDOC00008 PS00008 MYRISTYL
 N-myristoylation site

Number of matches: 4

1	14-19	GTLNAG
2	117-122	GNSRGN
3	121-126	GNTWSR
4	175-180	GTTIGF

[6] PDOC00110 PS00120 LIPASE_SER
 Lipases, serine active site

167-176 LYFIGHSLGT

Membrane spanning structure and domains:

Helix	Begin	End	Score	Certainty
1	3	23	1.398	Certain
2	167	187	1.637	Certain
3	248	268	0.715	Putative

BLAST Alignment to Top Hit:

>CRA|18000004903706 /altid=gi|542751 /def=pir||s41408 lysosomal acid
 lipase (EC 3.1.1.-) / sterol esterase (EC 3.1.1.13)
 precursor - human /org=human /taxon=9606 /dataset=nraa
 /length=399
 Length = 399

Score = 430 bits (1094), Expect = e-119

Identities = 211/394 (53%), Positives = 274/394 (68%), Gaps = 2/394 (0%)

Query: 2 MWLLLTTCCLICGTLNAGGFLDLENEVNPEVWMNTSEIIYNGYPSEEYVTTEDGYILL 61
 M L CL+ TL++ G V+PE MN SEII Y G+PSEEY V TEDGYIL
 Sbjct: 3 MRFLGLVCLVLWTLHSEGGKLTAVDPETNMNVSEIISYWGFPSEEYLVETEDGYILC 62

Query: 62 VNRIPTYGRTHARSTGPRPVVYMQHALFADNAYWLENYANGSLGFLLADAGYDWMGNSRG 121
 +NRIP+GR + GP+PVV++QH L AD++ W+ N AN SLGF+LADAG+DWMGNSRG
 Sbjct: 63 LNRIPHGRKNHSDKGPKPVVFLQHGLLADSSNMWTLNANSSSLGFILADAGFDVWMGNSRG 122

FIG.2B

Query: 122 NTWSRRHKTLSETDEKFWAFSFDMAKYDLPGVDFIVNKTGQEKLYFIGHSLGTTIGFV 181
NTWSR+HKTLS + ++FWAFS+DEMAKYDLP I+FI+NKTGQE++Y++GHS GTTIGF+
Sbjct: 123 NTWSRKHKTLSSVSQDEFWAFSYDEMAKYDLPASINFILNKTGQEQVYVGHSSQGTIGFI 182

Query: 182 AFSTMPELAQRIMNFALGPTISFKYPTGIFTRFFLLPNSIIKAVFGTKGFFLEDKKTKI 241
AFS +PELA+RIKM FALGP S + T + LP+ +IK +FG K F + K
Sbjct: 183 AFSQIPELAKRIKMFFALGPVASVAFCTSPMAKLGRLPDHLIKDLFGDKEFLPQSAFLKW 242

Query: 242 ASTKICNNKILWLICSEFMSLWAGSNKKNMNQSRMDVYMSHAPTGSSVHNILHIKQLYHS 301
T +C + IL +C L G N++N+N SR+DVY ++P G+SV N+LH Q
Sbjct: 243 LGTHVCTHVILKELCGNLCFLLCGFNERNLNMSRVDVYTTHTSPAGTSVQNMLHWSQAVKF 302

Query: 302 DEFRAWDGNDADNMKHYNQSHPPITYDLTAMKVPTATWAGGHDVLGTPQDVARILPQIKS 361
+F+A+DWG+ A N HYNQS+PP Y++ M VPTA+W+GGHD L DV +L QI +
Sbjct: 303 QKFQAFDWGSSAKNYFHYNQSYPTYNVKDMLVPTAVWSGGHDWLADVDVNILLTQITN 362

Query: 362 LSLVLSLLPEWEPTDFWGLDAPQRMFSGNHNL 395
L S +PEWE DF+WGLDAP R+++ NL
Sbjct: 363 LVFHES-IPEWE-HLDFIWGLDAPWRLYNKIINL 394 (SEQ ID NO: 4)

Hammer search results (Pfam):

Scores for sequence family classification (score includes all domains):

Model	Description	Score	E-value	N
PF00561	alpha/beta hydrolase fold	46.7	2.5e-13	2

Parsed for domains:

Model	Domain	seq-f	seq-t	hmm-f	hmm-t	score	E-value
PF00561	1/2	112	195	..	1 71	[.	38.8 6.7e-11
PF00561	2/2	294	352	..	139 196	..	8.0 0.19

FIG.2C

1 TTATGGCCTA ACCTTTTTTAA CTTTGAGTTA TTTTCAAGAG AAAATTTGAA
51 AAAGCAGCCT TTGAGGAGAA AGAAGCAATC CAACAAACAA AAAGATAACC
101 ACACTGTAAT AGGAAATGTG TTTTGAATAG GACATTGGAA GAAAAATAAT
151 AATCATTTTT ACAGGTAGAT CCCAAAGTCA AGGATCTATG TTCAACCATG
201 TGTGTTCCAC CATCTTCACA ATTGAATGAG TAACCATCAT TAAGCAGTTA
251 GCTTAGGCCG TAATATGATT CTTGGACTGA GATTTCAAAA ATACCACAGG
301 CCTTCTGAAA GGTTACCCCT TTCTAGCTCC ACTATCATCT AATTTTATTA
351 AAAAAAAAAA AAAAGGAAAA ATTTGAGCTT CTAGAGAGTA GGGGCTACCA
401 TTTTGTATCC CACAGGGCCA AGGAACAAGT TTTAATGTAT TCATTTAAAT
451 TAATTTTCAGT ATGAGTATTG AAATATATAA TAGAAATATT GTAACATTAT
501 ATATTTTCTA TATACTTTTA TTATATAGAA AATATATATT ACAGAATATA
551 TTATTAAATA TTGTAGAACA ATATATAATA CAGAAAAATA TATAATACTC
601 AGTAATATAT TAAATACTTA TTAAGATAGC AAGCTTATAT AGGAAGAGTG
651 ATGGAGCATT GTGAGAAAGT TTCAGCTTTA TTTCTTTGAC ATTACTTTGT
701 TTCTGCACAA ACAAAGAAT TACAGGAATT GTCCAGATTA TTCAAATAAC
751 TCGAAGTTGA GGAGGGAATA TAAGTCAATG ATGTAGAAAC TCTTTTAAGA
801 TTTGAGCTAG CCTACAATCT GTAAAGATCT GTGAAATTGA ACTATATTTG
851 TGCTATTTCC ATATTAAGTC AAGGCAACAA ATCAATATTA ATAATAATAA
901 CATAGCACTT CTAGAACTTT CTAAAGAGTC CAATAAAGTT TTGTTAGAAA
951 GGATTGTTTT TGAAGTTAAA AACCATGAGA AATTCCAGGA AAATCCACAT
1001 ACCTATGCCA TCATACTATC AATCAGGGCA AAACATGCTT GAGTCTTTCA
1051 TCAAGACTAA ATGATTAAGG AGTGGTACAT AACTTTTCCC TGTTCTGACT
1101 AGCTGAACAC TTCCTTTTAC TCCACATTTG TTTAATTGGC ATGAAATTTT
1151 CCACTCCACT AAAACAGATC TTAGGATTTG GACAACACAA AATATCATTT
1201 GTTTTGAAAG GATTTGAGGA TAAATCCAAA CTAATAGAAC TGAAACTTCT
1251 ATATTATGCT GGGTAGCAAC TTAGTTTTCC CTACCCTTCT TCATGCTGGG
1301 AGATGAAAGA GATTCAGTTA CGGCTTAAGC TCCACAGGCA TACAAAGTGA
1351 AGCAGAAAAC TGAGGCACGT GTGCCTCCAT TATCTGGTAT CTCATGTGGG
1401 GCTTAGAGGT AAATTGTCGT TATTTGGCCT CCATTTCTGC CTTTAACCAC
1451 TGGTGTAAC AAAGTTACT GTGCCAAAGT TGACAGCAAC CCAATCCCT
1501 TTGGCATGTG AATTAGTTTCTCTGCCATA CTGCTAGTTC CAAATTCCTT
1551 CTGGTTTCAG GATTTAGGAG TCAGGGTTGC CTCATCTTCT CAAATGAGTT
1601 ACAGTCACGC ACATCCCTAC ACACTGCATG GTTGGCACTA GTTCCTTGAT
1651 ATATGTTACT CCGTTTGATC CTCATGAAGG ATCAAATGGG GAAGGGAGAT
1701 ACTATTGTCT CTGATTGTCC ATTAAGATCT TGAGTATGTT CTACTTCCCT
1751 GTTTGACACA CTGGTTTGAA AATGTTGCTA AGTCTTCCCA ACAATGACAG
1801 ATACTCAGTG GAAACATGAA GGATTCCGTC AACTGGTTA TTTTGCATCA
1851 TGTAGACCAC TATTTCCCAA CCTGCAAGTG CATCATGGCC TTTGGTGTGT
1901 CAGGGACACG CCTTGGGTGT GTGTCTCAGT CTAAAGCTTC CTCCTTTTCA
1951 CAAGCTTCCT GTTTCTCATC TCTCTAGCTT CTAAGTGTCA CTGTAATCAT
2001 CTCTTACTCT TCAGCCTGAT GTCAAAAAGCA AAAGTTCAGA AGTTCCTCAT
2051 CAATAAGGAG TCCTTGTGAG CAGGTGAAGC TCATCTAACT AGGTAAGATG
2101 AAGATCTATC ATAACCAGGA GGCAGGTTGG AAGGTGCCAG TTGCACTGGC
2151 AGTCAGGTGC AAGAGCTCTG CAGTGAGGCT GCCTGAGTGT CCATCCTAGA
2201 TCTCTCACCT CTTGGCTCTG TGACCTTGAG CAGGTCTTAA ATCTCTCTAA

FIG. 3-1

2251 GCCTTTGTTT TTTTAATTGA TAAAATGAGG ATAATAATAG TACCAAAATT
2301 AGGGAGATTT TCAGAGCTTA AATAACATAC GTGAACATTT TAGAGTAATG
2351 CCTGCCATAA GGGGACTCAG TAGCTTATTA TTAGTTTCAT ACAATTTGAA
2401 AAGTTTCATA ATATTTGCAG ATATAAGATG ATCTTCAACC AGATAGCTAA
2451 TGTATGCAAA GCTATTTAGC TTCAGAAGTA AACTCTGCAT TTCTAGAAGT
2501 TAAATATTAC TTTGTTATAG TGAATTATCT GTAATATTTA TCTCTTGCTC
2551 ACTTTTATAA GAAAAATAGT GAAAGCATTT ATTAAGAACT TACACTGCAC
2601 TAAATGTTAT ATATGACTTA ATCCTCACTA TAACCCTATG AGATAGGTTA
2651 CATTATTGTC CTAATTTTAC TAACAAGGAA ACCAAGAGAC AAAGCTACTA
2701 AAACACTTGC CTGAGGTTAG ACATCTTCTT CTGTGGTGAG GCTGGATTTC
2751 AAATTTAGAC CATTGACTG TAGCACTTAT ATGATGAGCA TGCTGTTTAG
2801 TGTATAGTG TTGGTCTACC TTTGAATAGA CATACTTTTA AACCATGGCA
2851 AGGAAGTGAG ACTGCACATT GAAATATGTA AAATTTGCCT TTGGGTGCCA
2901 CGTGAGAAAT AGTCACATCA CTAGAACTA ATCATAAGCT TTTGTGTTTG
2951 GTTAAAGTTT TATTGATCCA TTTTCTTGT TTAATTTGTG GGATACTGGG
3001 CTTAACTAGG GGATACCTCC ACTTTTACT TGGCCATGGT ATGAAAACCT
3051 GTCCTCTGAA TCTTTAGATA TTTTGGCAA TGTAGGCAA ACAAAGACTT
3101 AAAGCAATTC AACCTTGATT AAAATAAGAC CAAAAATGCC TCCATACTTG
3151 ATTAAATTTA TTTCAATTTA GGAAGTGGAT TATAATCAAG ACAACTTCTA
3201 CATGAAAAAA TAGATTAATA GTGCTCCAAG TTAGTTCAC TATTTATTC
3251 CTTTTTATAC ATTATCTGCC TTCGGTGTTA TTCAAGTTT CATTATCAT
3301 TAATAATTTT ACTAATCATT TTATTTTATT AATCAACATT GATAGTTAAA
3351 ATTAATCTGT GAATATTAAA TGTTTTATGC CAGGCATTTT TATGATGTGG
3401 CTGCTTTTAA CAACAACCTG TTTGATCTGT GGAACCTTAA ATGCTGGTGG
3451 ATTCCTTGAT TTGGAAAATG AAGTGAATCC TGAGGTGTGG ATGAATACTG
3501 TAAGTCATGG AAAACTGTGA AGAACATCAA ATAAAGCAGG ACTAATGGAG
3551 TATGAGGTTA CGAAAGGTCC TGTTGTAACA GAAAATCTCT GATAAAACAG
3601 ATAAATGTA GATGGTTTTT AACCTCTGCA AGAGTCAAGC TAGTTAGATC
3651 TTTGTCTGAA AAACAAATAC TGTCCGGTAA TGAAAACCAA ATTGTGCTAT
3701 TGTGCTATCT ATCTATCTAT CTATCTATCT ATCTATCTAT CTATCTATCT
3751 ATCTATCTAT TTATCTATCT ATCTATAGAT AGAACCTCCT CTTTTGAATT
3801 TATGTTTTAA GAATATCAAG CTATTTGTTG ATATACATGA TTGCCTTCTA
3851 TTGATCTATA GTTCTATTAC TTTTAAAGCA AGAGGGGTCT CAAAAGACAA
3901 TTGACTTGAT AATATAGCTT TGTCAGAAAG AATGGGTCAA TGCTAAATTT
3951 TCCCCCAACC CCCCCAAATA TTAGCCAATA GTAGATATTT TTTAAATTC
4001 TACTTATTTT GTATTAAGAC TTTATTTATT AATTTTACAG TTACCTGGTG
4051 CTACAAATTT CAGATAATTC ACCCTAATAA GCACACAACA GATGGTTTGT
4101 TTTGATTCTT TTTTATATCC TTTGGAGAAG TTCCACTAAC GACTGTATTT
4151 TTAAGTGGCA GAGTGAAATC ATCATCTACA ATGGCTACCC CAGTGAAGAG
4201 TATGAAGTCA CCACTGAAGA TGGGTATATA CTCCTTGTC AACAATTC
4251 TTATGGGCGA ACACATGCTA GGAGCACAGG TACAAGATAT GTCTCTCCTG
4301 AAAAGGGGAC TGCATTGACC TCCTGCTTCT CAGGAGGAAT TTAATGCTAG
4351 ATATGCATCA ACAGAGTTTA TCAAAATTGG TTTGAATTAT TGGATTAGTC
4401 TTTAAATAGT TATCAGGGAG GCTCACTCTT TGCTGATAA TTCTCTGAAG
4451 ACAGACAGGA ACCTAAAAAT ACAAACAGCA AGACTGATCT TGCTAACTGC

FIG. 3-2

4501 AACCAGAGGT ACTTGTTAGG GTGTAAACAG AAAGGCAGAG CCTGCATTTT
4551 GTCACCTCAT TACTGATTTA TCATGTGGAA AATTGCTTTG TCCCAGGAAA
4601 ATGGATCCTC TCATTGTCAG AAGGAGATTT TCTAGGTTGT ATGAAATTGA
4651 CTCTGGGGCA CCCAAGAAGA ACCTCTCCTG CTCCCACTAA AATTAAGGGG
4701 CCTCCCTCTG CAGGATAAAA AACAACTAG TTAAATGACA ACGCATTTCT
4751 GAAAAGTTTT CCAGGACTGA AAACCTTAAC ATCCACATAC ACTTTGATCT
4801 AAGGGACAGA CGGTTCATAG AATGAAAGAG TATGGTGTCA ATAAGGCTTG
4851 AATTCTAGAA TGAGGAGCCA GCCATGCCAT AGCAGGGGAA TGATACTCCT
4901 TAAAAGGGAA AATTAACTA CAAATCCTCT GAAGTAGAAA TGATAAGAAT
4951 AACCAAAATA TCTGCAATGG TTCAATAGCA AATAATTTAT TGGCAGCTGC
5001 TTACCGTGTT CATTTTGCAT CTTTTTCCC ACCACACATA TTAAGGAGCA
5051 GCTGAAGTCA TGTTTGACAT TCTCTCCCTC TTTTATCTCC AGTTTCAGAA
5101 TGAAAAATGA GAGTGAGATA TGAGTAGTTT TACTAGTTAA AATATGAAAC
5151 ACCCAGTTAA ATTTGAAGGT CAGATAAACA ACAAATAATT TTGTATAAGT
5201 CTCATTTTAA GATAATACTA AAAAGTCATT ATTTATTCAC TATTATCACT
5251 ATTTATAAAA TTTTGTAGAG CATCCTGGAT CTTTTTGCTT ACTTTTGTTT
5301 TTATTTTTTG CTAAATCTGG CAATCCCAGG CACATGTGTG AAGGAGCTGT
5351 GAAATATAAA AGGAGAAAAC TTTTATGGGA AAGATTTGGC TTAAGGAGAG
5401 ATAATTTTGG AAAGATTTAG AATTAAAGAT CATTCAATTAG ATGTAATGTT
5451 CTAAATACTT TATATCAGTT AAACCTCTCA TCAACAATAT GAGATGGGTA
5501 CCACTAATAG TCACCATTTC ACAAATGATG AAATTAAGGC ACAACCGGTT
5551 ATGTTAAGAG GCCTAAAGTC CACAAATAGC AAGCTGACAG ACCAGAATTT
5601 AAGCCCAGGC ATGCTGGCTC CAGAGCCTGT GCTCTTAGTC ATTAAATTAT
5651 AGTGCCTTAC TTGACCTTCC ACCCTGGTTA CTTTGGATCT CCCTGAATGC
5701 TCTCTCTCCC TCAGAAATAC TGGAAAGTTGG CAGAGGGACA CTGAGCTGAG
5751 CATATTATTG TAGTTTTTAA ATGCTCTCCA CTGGACAGAA GATGGGGGAT
5801 TTGAATAGAA ATTTGGTGAG GAACTAATCA GTGTCCATTT ACACTCACCT
5851 CCTCTTCTC CTGGAAGAG CTATAGGACT TGAGTAAGCA TGATAAATTT
5901 CGTGTCTTTG TAAACCACAC CCAGGAAATT TGTATATACA AATACATAGA
5951 GCACAGTAGT TATCAGGACA GACTTTGACA TAAAAAGAAC TGGGTTTGAG
6001 TCCCTGCTCT GGCCTTCTTA TCTGGGTGGC CCTCTGGGAA AGTTACTTAA
6051 CTACATAAAG TTTTGTTC ATATCTACAA AATGAGGTTT CTCAAAATAG
6101 CAGCTAGTTT ATAGAGTTGT TGCAAGAATT TAGTAAGCTA ATACATATAA
6151 ATACGTCAAC ATAGCACCAG GTACAAAAAT ATGTGCTCAA GAACTGAAG
6201 TTACCTGATT ATAATGCTCT ATACTATTGA CAAGGGAAAA GTGAAAACAG
6251 TTTTGTGTTT ACCATGTGTG TATGTGTGTG TGTCTGTGAT GTTCCGACA
6301 TGCTCTATTT AACATAAATT ACTCTCACTC TTTCTCTCTC TCTCTTCTC
6351 TTTCTCCCTC TCTCATCTTA CCCTTTCCCC CACCAGGTCC CCGGCCAGTT
6401 GTGTATATGC AGCATGCCCT GTTTGCAGAC AATGCCTACT GGCTTGAGAA
6451 TTATGCCAAT GGAAGCCTTG GATTCTTCT AGCAGATGCA GGTTATGATG
6501 TATGGATGGG AAACAGTCGG GGAAACACTT GGTCAAGAAG ACACAAAACA
6551 CTCTCAGAGA CAGATGAGAA ATTCTGGGCC TTTAGGTAAA TATTAGCTAA
6601 GAAACTCAA GGGGGAAATT GGAGGCAATT TAAAAAAAT AACGTGGACG
6651 CTATTAATGA TTATCTTTGA CGCTTGAAGT CATATAGCTC CTTGTAGTTT
6701 CTGTTAAGAT CTCAAAGGAG GGTAACAGCA AGAAGCTCTG ATTTTCACT

FIG. 3-3

6751	GATTCTCCCA	CAAGCAAAGT	ATGGCATTTC	AACAAGATCA	TTTTTACATC
6801	CAATTCTGTG	AATTCTATGC	ATTA AAAAGTA	TGTCCAAAGA	GACAGCTCAG
6851	GAAATTATCA	TGACCAATGT	GCACATTCAT	TCAGCCAATG	TTTACTGAGT
6901	GGCTACTGTA	TGCGCTGTTT	TAGGCCCCGA	ACATTCAAAC	AGGGAACAGA
6951	CAAACCTCTGA	CCTCACAAAG	CTTATGTTCA	TTTTAGTGAT	AATTTTACAA
7001	GTCATTGCTC	CTGGATTGCC	AATCAACTGT	GTAAAGATGA	TTTGACCAG
7051	GACCTTATTG	ATTTAGAGAA	ACTGTGATTG	ATTTAGAGAA	ACTGAGATCG
7101	CACATAGTAC	CATTTTCAGG	AAAAC TCAA	TATTAGATTT	TTAAACCTT
7151	GTTAATGGGC	AATGAAGAAG	AATCTTTTTT	GATATCTTGT	TTCTTTTAAT
7201	GGAAGAGTTT	TCTGCTGTCA	CCAGAGGACA	GGCTGATGCC	TGCGATAGAC
7251	TTTTCTTTCT	TCAGGCCTAA	GCTCCCTGTT	GGTTTGTA AA	CCTGATGCTA
7301	GAACAGACTG	TGTATTCTTA	TTACATTAAT	AAAACATTCA	GTACCCACTG
7351	AAAGTTTGAG	AATAGTGGAG	GAATAGAATA	GAATGTTATA	GTCTGAGTTC
7401	TTGGGCAGGG	GCAAGCATCA	GGAAATATTG	AATCATTAGT	CTTTAGGAGG
7451	TGTCACAACA	ATTCTCCTAT	TCTTGTAAGT	CCCAATCTAT	AGATTTCCCTC
7501	ACATGTTCTT	TTAATAAACA	GGCTTCTAGC	TTATGGAATA	CCTGATTTGA
7551	CTAAATGTTA	TATAGGCCCT	TTTGTTCCCTC	CTGTCTGAAG	AACAAAATAC
7601	TAGTACTATG	GAATATTGGT	ATATATTA AA	TATATATCTA	TATATCCATG
7651	TGGACAGGAA	TACTACTACT	AACAACATCT	TACTGAGCAC	CCACTGGCAG
7701	CCAGAGTCGT	TTCTTTTATA	CTATTAAACC	CCGTTAGCAG	CCCCGTAAAC
7751	CAGGTACTAC	CCTGTTTATT	TCCCAAATGA	GAAAACATAG	GCTCAGAGCA
7801	TTTCAGTAAT	TTCTCAAGAG	TTGCAAAGGC	CATAAATAGT	AGAATCATGA
7851	TTTACAAAAC	CCCTGTTTCC	AAAGATGGGT	ATTAAATGGT	CCTAACAATT
7901	GTGAAGCCTC	ATGTGGGAGT	CAGAAGTAGA	GGCACACAAG	CCAGATGGGG
7951	AAAGGGAGGG	CAAAGAAAAG	CAAGAGAAGG	GAAGGAAGAG	GAGGGATCAT
8001	AAGGTTGAAC	TTCAAATATC	ATACACAAGT	TTCGAAAGTG	TTCTCTTAT
8051	AAGGAAGTAA	AATGTACATA	TGCAGAAAAA	CAAAAAGCTA	CAATAGCCTA
8101	CATATAATTG	GATAAATAAT	GAAATACACA	TTGAATCTAA	GTAAACAGCA
8151	TAGAATCTGG	GTGTAAAAAA	GAAGTGAGCA	AGTGCTCTGA	GTTTTAAACT
8201	TAAACTTGCA	AGTATTTATA	AAAGCCCCTG	TTTTATTTTG	CAGTTTIGAT
8251	GAAATGGCCA	AATATGATCT	CCCAGGAGTA	ATAGACTTCA	TTGTAAATAA
8301	AACTGGTCAG	GAGAAATTGT	ATTTCATTGG	ACATTCAC TT	GGCACTACAA
8351	TAGGTATGTT	TATGAGGGTC	ACTGTTAGGT	GTGTTTTTGA	GGGTCA GTTT
8401	TCTCAGAGTC	TTACAGGAGT	TCACCTTTAT	GTTGGAATAA	AACA ACTGTT
8451	ACTTATAGTG	CCCTCAATTC	CCTGTCCTCT	GCTGGGAATA	ACCCTAGTAC
8501	TCTAAGTAGC	TGTGAGCCTG	CAGTGCACAG	ACTATATGTA	GGGCAAACCT
8551	TTCTGGGTC	TCTGGTCACA	GCAGCATATT	GA CTACGGTG	ATGCAATTTT
8601	CCAGGAATAA	CATGTGTTCC	AAATTCAAAG	AAATAATTCC	ACAGAGTAAG
8651	TTTCTAGATT	CCCTCTGAGC	TGAAAAAGTA	AAATTCAATG	CCATGGAATA
8701	TGGCTGAAAC	ATAATAAATG	TGCATCAATC	ATCTCTTTCT	CACAACCCAA
8751	ATGGGATTTT	TAAAAAATAA	AAGGGAAGGG	CTTATACCTA	TATTTAAACA
8801	AATTGAAAAG	GCATGGTTAT	ATTTGTTTGT	GAGTTGGAAC	ACACAAGCTT
8851	ACTATAATAA	ATCAATTGAG	CTTATCTATT	CAGTGTGTGA	TTTAGTATTT
8901	ATGAAATAGC	AAGTAAATGT	AAGCACTATG	TAGAAATTTT	TAAAGTTTTT
8951	TAAGCTGACA	ACTTACTTCT	TAATTTACTT	ACTTTACTTA	ATTTACTTTA

9001 CAATTTACTT TCCAGGTATT TTGGAAAGAA ATCAATAATC TAGTTCCAAG
9051 TAAAAGTTGA AAGGAACCCA CACTAATAAA AGCTTTGAAT TTGTCATTGA
9101 ACTTCCACTA AAGTTTCCAA TTTTAAGAGA ATAAATCATG TGAAAGTGCA
9151 ATATTTCACT TTAGGGAAAT ATTTTCATTA TCACCACTAT CATCAGTAAC
9201 AAACATATAT TCATTAGTAT TTTAGATTGA CAGGCACTTT CCAAGCTCAG
9251 AACAGGCAGT TAGCATCAGT CAGCATATAC TAAAAAAGTA TCAAAGAACT
9301 CATAGGAGAT CAAAAATGCC ACCAATAGGC AAATAATTAC AGTATCTAAC
9351 ACTTATTGAG CATTCTGTTT GTGTAGGGTC TTGTGTTTCTG GACCTTCCCC
9401 ACAGTATCTC CCTCTGATCT TCAAAACAAC CCGAATGTTA TTATCCCCAT
9451 CTCATAGAAG AAGAAACACA AGTTCAGAAC ACAGATTCAA ACCAGATGTA
9501 TCTGATTTCA CCAATAGGGT GTGTAAGGAT TCCGGAGAAA TGGTGTAGAG
9551 AAGAAGAAAT GACTTTAGTT GGTTTTGGAA AGTGGGTAGG ACTTAGATAT
9601 GCTCTTATAC TTGATCTGCA AAAAAAAAAA AAAAAACCAT GGAGAATTTG
9651 ATTATCTGTG CTCTGTGTTT CATTTAGGAC ATAAATATTT TTAGTGACTG
9701 TTGTTTGCAT TTTGGACAGA GCAATTTCTG TTATGTAAGG AGCACCCACT
9751 CTTTGTAGGA CATTTAGTAG GTCCAGCCCC ATTAAACAGG GCTCTGCAGT
9801 CAGCGTGACC CTCAAAAATC TCACCTCCAC ACATTTCCAA ACACCCTCTG
9851 GGGAAAGTACT ATTCCTGATT CAGAGTCTTT TTATCAATTG TTCAGTCAAT
9901 TATTTCACTT CTTCTTTTTC TGGCCAAGAC AGTTTTAATG TTCCAACAAG
9951 TGTTTCAGTA CACACATACA CACACACACA CACACACACA CACACACACA
10001 CACATGCTAG TGGAGGCCCA GGAAGGGACC TCTGGAAACC AAATTATATG
10051 GATATTCTCC CTAGCCTACC CAGTGTGTGT CTAATCTCCA TCCTCACAGA
10101 TATACAAAGG GGTGCAATGC TACTGCTGAA AGAGCAAAGC AAATGGAGAT
10151 GCCTGGTCCT TACTGGGCCA TCGTGGATGC TAGGGAAAGC CCCTTTCTTT
10201 TTGGAAACAG GGAAGAGTCT AGAGGGTTGA AAAACACCCA GTAAGACACT
10251 GGGAGCAGTG AAATTTTCATT CCATAGTGAG AAAGAAAACC TGTTAGAATA
10301 ACTGGGTGAT GCTGCAGAAA GAAATCAATT CACCTCCTGT GACTGATTAT
10351 TTGCTTCTGG AAGCTCTGTG ATTCATTCTG GCATCTCAGA GTTAGGGATG
10401 AAATGAGAAT GTTGCCAGCA TTTACCCCAT GCTTGGGAAG TTTACACAGC
10451 AGTAGCTACT CCAGCAGCTT AACCATCACC TTTCCCCTGC CAACTACTCC
10501 ATTTCCCCCA ATCAAGTCAA ACTGTCCATA AATAGAATAA AATAAAATTG
10551 GAGACTTGAG AGCAGAGAAG ACTGAAGGCA GATTATCTTT ATAGAATAAC
10601 TCAGAAGACT TCCAATTCAT CCCAGTATG ATCACGATAG AAGGAAAAAA
10651 TGAATAAGCA GAGCCCCAAT TTTGTTAGAA ACATTGCGTA AGTATTTATT
10701 TTTACAAGAT TGTCTTATCT CCTGTTCTCT CAGGGTTTGT AGCCTTTTCC
10751 ACCATGCCTG AACTGGCACA AAGAATCAAA ATGAATTTTG CCTTGGGTCC
10801 TACGATCTCA TTCAAATATC CCACGGGCAT TTTTACCAGG TTTTCTCTAC
10851 TTCCAAATTC CATAATCAAG GTAGGCTCCT TTCAACAAAA TGTACCTGAG
10901 GATCTCATTT TGGATCATAA ATCCTTATTA TTTTCAAATC TACTGTAAAG
10951 TAAAAGTAGG AAATTTAGAT AAAATCTATA GAACTTAGAC TCTGTGGGTA
11001 TGTGCTTGTG TATGTGTGTC CCTGCGTGTG CGCATGTCTG TGCCATAGTA
11051 TCTGCAGGTT CTGTAATACA ATTTACTATA CAAGGTCATC AGCAGGCTGA
11101 GTATATGTCA GAATTTCTAG CTGAACTGAG TGCTATATGA CAACAAGGAT
11151 TTTTCTTGTG TTCCCAAGTG TTTTGTGTTT CATTTAGTCA GGTAGGTCAA
11201 TGAATTCACA TTGCCCAAAT GAAAGACACT TCAAGTTACC CATAATCACT

FIG. 3-5

11251 GATGTGTCCA ATTTTGACAT TAGAAAAACC TGATTAATAT ATTCCTTCCA
11301 ATATGGAAAC TTGCCCTAAT AACTAAAGCT AAGATTCCAA AGCCTAAATG
11351 TATTACAGCT CAAGTATTAA TTCAAATATT TATTGGTTAT TTTTCAGGAG
11401 TTGAAAAAGT CATTGGTTG CCAATTGTGG ATTTGGGATT TTATCTATTA
11451 AAGGGTTTTT TTTTTTTTC TCTTGCTTT TGTTTCTCTA CAAAGGTCAT
11501 TGCCACAATG AACACAGCAT TTAATCAAAT TCCAGATTGG CCTTTGAACT
11551 TGGGATGATG GATAAAATGG ATTTGGGCCA AAATTGAAGT CAAGGAGACC
11601 AGTTAGAATA TCAAAATAAT TCATATATAA GAAAATGAGA CGTTGGTTTG
11651 GGGTAGAGTG GTAGGAATGA AAAAAATTAT TTGTGAGCTA ACACAAGGAA
11701 TAATTTCCAT AGGGCCTAAT AATAGTTAGG TCTGATAATA CTATGGTCTG
11751 ATAATAGTTT TATTGTATTG TTTACTGAGA GCACAAATGA TGTAACCTCC
11801 TTATTCAAGA GCTTTTCTAG TTTATTTAAA AATGTGTTGA CATCAGTTAG
11851 GTTTTAATGT TTTCTATATT TGGACAGTGT GAGCAAATA ATTTGTTAAA
11901 TTAAATTCAG AGAGAGATAC ATCTATCTGT AAATACATAT ATGCGTTGTT
11951 TGTGTTGCTC TTCCTACATA GGTCAGCTAT AAGGCAAATA ATGTTCTGCG
12001 GTTATCTCAG TTTCACATTT CCCACTGTCA ATATTCTGCT TACTTTTAAG
12051 TCCCATATCC TGCTCTTTTC TTCCGTCAGT TTCCCCCAGA AGCTCCAAGA
12101 CCCCACCAGG AATCCCCATC CAAGTTTACT TTCCCAACTC CTGGAAGTTT
12151 CAATTGTGCT GCCTTTGTGA CATTATCATA TCTTTTCTGT TCAATGGTTG
12201 CTTCTCTTTG GCTCACTGTT CTCTACTTTT CAGCCTGAGA GCTGGCTAAT
12251 CTGGGACAGT ACTCGAATGC AGTGACACA TGGGTAACAT GGAAAACCCC
12301 GATTTTCCCT TATATTCAAG GTATTATTG ACCTTAAGAA AAAGTGTGTT
12351 ACATTTTATA CCAATTAATG AGAAAAAAT ATTGGCAAGC ACTGACTGGG
12401 CAGAATACAG GGAAGCTTCA CTATGGAGAA GTGAATTTGG GATTGAGGGC
12451 CTTTATTGCA ATCTCCTTGT AAATAATATT TGATACTCTT CCTCATCTGG
12501 AGACACATTC CTAAGTAACT TTTCCTGAAT AATTTGGTCT CTTGACTGA
12551 ATCAGTAAGT ACAAATAGAT CCCCAGCAT GGCTCTTTCC TAGAATGAAA
12601 GAAATGTCAA GAAGTCTGAA GATGATTCTT GAATTTTGGT TTTTGTCTAT
12651 TGCTATTTGG GCTTGTGTG CTTGTTGTTG CTATTGAGTT GAGCTCCTTA
12701 TATATTCTGG TTAATAATCC CTTGTAATAT GGATAGTCTG CAAATATTTT
12751 ATCTCATTCA AAGATAATTA TTATTTACTT TCATAGGCTG TTTTGGTAC
12801 CAAAGGTTTC TTTTGAAG ATAAGAAAAC GAAGATAGCT TCTACAAAA
12851 TCTGCAACAA TAAGATACTC TGGTTGATAT GTAGCGAATT TATGTCCTTA
12901 TGGGCTGGAT CCAACAAGAA AAATATGAAT CAGGTATGTA TGATAATTAT
12951 AGGGCCATTT GATACCTTAA GAAATTCCAG CTTTCCTTTG ACTCATTTTG
13001 ATATATCTAT TTAATGTATA AATTCATATG GTATTCCAAA CCCTTAAAGA
13051 CAGATTTTTT TTTGCTTTTA AAAATGTTTA TGGGTATATA ATAGTTGTAC
13101 ATATTTATGA GACACATATA TTTTGATATA AGCATACAAT GTGTAATGAC
13151 CAAATCAGGG TAATTGGGAT ATCCATCACC TCAAGCATTT ATCATTTCTT
13201 TTTGTTAGAG ACATTCTAAT TTGACTCTTC TAGTTATTTT GAAATATACA
13251 ATGAATTATT GTTAACTATA GTCATCCTAT TGTGCATGCC AGACTTTAGT
13301 CTTCTAACG GTATTTTGGT ACCCATTAAC CAATGCCTCT TTATCCTTCC
13351 CCCACCCCTA CTACCTTTCC CAGCCTCTGG TAACCATCAT TCTTCTCACT
13401 ATCTCTATAA GGTCAGTTTT TTTTAAACT CCCCTATATG AGTGAGAACA
13451 TGCAGTATTT GTCTTTTGT GCCTGGCTTA TTCACTTAA TGTAATGTTT

FIG. 3-6

13501 TCTAATTTCA TCCACATTAT TGCAAATGAC ATGATTTTCAT TCTTCTTATG
13551 GCTGTCTATA TGTACCACAT TTTATTTATC CACTCATCTG TTGATGGACA
13601 CTTAGGCTGA TTTTCATATCT TGGTCATTGT GAATAGTGCT GACTAAACA
13651 TGGGGGTGCA GATGTCTCTT CCATGGATTG ATTTCTTTT TTTTTTCTGA
13701 ATATAGACCT AGCACTGGAA TTGCTGGATC ATATGGTAAT TCTACTTTTA
13751 GTTTTTTGAG GATCCCTCAT ACTCTTCCCC ATAGTTCCTG TACTAATTTA
13801 CATTCCACC AACAGTCTGT GCAAGAGTTC TCTTTTCTCC ACATTCTTGT
13851 CAGCATCCAT TATTGCCTAT CTTTTTGATA AAAGCTATTT TAACTGGAGT
13901 GAGATAGTAC TTCATTGTAG TTTTAGTTCG CATTCTCTA ATGATTAGTA
13951 ATGTTGAACA TTGTTTTTAA TGTACCTCTT GGCTATTTGT ATGTCTTCTT
14001 TTGAGAAATG TCTACTCAGA TCTTTTGTC ATTTTAAAT CAGATTTTTT
14051 TTTTGCAATT GAGTTATATG ACCTCTTTAT ATATTCTGGT TACTAATCCC
14101 TTGTCAGATG GGTAGTTTAC AAATATTTT TCTCATTCAA CAGGTTCTTT
14151 AGTTCACCTT GTTGATGGTC TCCTTTGCTT TGCAGAAGCT TTTTAGCTTG
14201 ACGTAATCTA ATTTGTTTAT GTTTGCTTTG GTTGCCTGTG CATTGAGGG
14251 CTTACCTCAA ATTGGCCCAG ACCAATGTCC CGGAGTGCTT CTGTAATGTT
14301 TGTTTTTTAG TAGTTTCATA GTTTTAGGTC TTAAATGTGT CTTAATCCA
14351 TTTTGATTTT GTTTTTGTAT CTGGCAAGAG ATAGAGATCT AATTTTATTC
14401 TTCTGCATAT GGATATCTAG TTTTCCCAGC ATCATTCTT GTGGAAATTG
14451 TCCTTTGCCC AATGTATGTT CTGATGCCT TTGTTGAAA TTAGTTGACT
14501 ATAAATGTGT GGATTTATTT GTGGGTTCTT TATTCTGTT CATTGGTCTA
14551 TGTGTCTGTT TTTATGCCAG TATCATGCAG TTTTGATTAT TACAGGTTTG
14601 TAGTATAATT TGAAGTCAGG TCATGTGATG CCTCCAGCTT TGTTCTTTT
14651 TCTCAGAATC TTATATTTAG AAAAACGTAA AGACTCCAAC AAAAAACCTG
14701 CTAGAACTGA TAAACAAATT CATTAAATTT GCAGGATACA ACATCAACAT
14751 ACAAATTTCA GCAGCATTTT AATATGCCAA GAGCAAATA TCTTAAAAA
14801 AAGAAAGAAA AAAAAACAAG AAATAATCCC ATTTATAATA GCTACAAATA
14851 AAATAAAACA CCTAGGAATA AACCATACCA AAGAAGTGAA AGATTTCTAC
14901 AATGAAAAC ATAAAAACT GATGAAAGAA ATTGAAAATG ACATTAATAA
14951 ATGGAAAGGT ATTCCATGTT CATGGATTGC AAGAATCAAT ATTGTTAAAA
15001 TGTCCATATG ATCCAAAACA ATCTACAGAT TCAATGCAAT CCCTATCAA
15051 ATACCAATGA CATTCTTCAT TGAAATAAAA AAAAAGCCTA AAATTTAAGT
15101 GGAACCATGA AGGTAGATGT CTGCTATACA TAGAAGATTA AGTACTCAAC
15151 AAACCTTGAA TATGAAGACT GGGGAAGTGA ATAGGCAGCT TCACTCTTCT
15201 ATTCCCTGGT GAAATTTAGG AGAATGGATG TTTTATAATG GGTAGCAGTT
15251 TCTTACATGT TCTCAATCAG CCATAACTTA CTACAGTCAA TTTGAATTTA
15301 TTGCATTTGA ATATATTGGA TTAAAAATAA AATCCTAAAA AAGGAGAGAA
15351 GCACATATAA ACCTGCGTCT TATTTTCATGT GTTCCTTTCT TTGTGGGTGA
15401 CTTTTGTTTT GAAATAAAAC CTGCAAAATA ACAGGACAGG GTGGAAGGGA
15451 GATGGGATCC CCTCTTTATG AAGAAGCAGC AGTCCTGTTT TATCACCTCT
15501 TCATTTTCTG TTATTGAGAA TTCAAGAAGA AGGAGGAGGA AGAGTTCACA
15551 TCCACAGACT GGTGTGGTTG AATAGTTGTC TCTACTGTAT TCCAAATAGC
15601 AGCCAATGAG GCTGTTACAG TGAAGCCAGT CCCAAGATAA TTGTTCTGTA
15651 CCCCTATTCT CTAAGAAGCT AAATTGTGTT AGACTGAAAC CCATAAGGAA
15701 CCATTGTTCA AAGTTGGCTT GTTCAAAAGT AAAGATTTTT AATAGTTTCT

FIG. 3-7

15751 CTTAATTAGA TTATTTTCTA AGACATAGAA TTATGATTAC TATTTTATCT
15801 CTATAATTTT CATCTCTATA ACGTTTACAA ATACTGAAAT AACCTTTGGA
15851 AAAAAATTGGC TTTTAGCTTT ACTTTTGCAA TATTTTATTT TATCCCCATA
15901 AAAGCCTAGG AAATTGGTAC TATGACTTTT AGTATGTTCA TTTAATAGAT
15951 GAAAAACACAG AAACCTCAAAG ATGTTAAATA TGGTGGCCAA GTTCACAAAG
16001 CTGATCATT AACAACAACAG GGCCTGAACCT CCTGGTTTTT TGATTTAATC
16051 TGTGACAGTG CACCTGGGTG CGCATGCATG CATCACCCCC ACACTTGAC
16101 ATAGAACCTT TCCTAGTTGG CTTTGCTCCA TGATGACCAT TACTGTTCT
16151 TCTACTTCAA AATAAGCAAA TTATCCTACA GATTCAGAGC TGGTACAGGT
16201 GTGCTGTCAA GCAGCCCATT CCATTAGTCA GCTTGTGGTT CACTCACATT
16251 AAAGTATTGA CCTAAATGGT ATATTTATCT AGATAATTCT ACCTTGTTAT
16301 TTTCAAAGCC CCAGTCTTGT TTGCTAATTC TGTGCATCAT TTTTCTCTGA
16351 TTCTGAAAGG CAAAATTTTG TTGGGCAATT GCTGTAATAT GAGTTTATC
16401 TCCTTTAGAG TCGAATGGAT GTGTATATGT CACATGCTCC CACTGGTTCA
16451 TCAGTACACA ACATTCTGCA TATAAAACAG GTAGAGTCTT AGTCATGGAA
16501 AACCATTCCA ATCCTTATTT TCAATATATT TAAAAAGACA GAATTGACCC
16551 TGTTAACAGG CCTACCCTAA GAATCTTAAG AGCTTGCTTC CAGTTTGTCC
16601 TTGCTGCCTT CTGTATGCCT TGATTTCCCT GGAATTTAAG AGAAAGGATG
16651 TTATGGTACA GACCAAGTAG ATGACATAAA TGAACACCAC CTTAAATCAG
16701 AGTTTTAAAA ATAGGCCCTG AACTGAAGCA AGAGGTAAAC TAGGGAAGCC
16751 TCAGGAGAAC TGAGACTTCT CCAGAGAGAA GTATCTGGGA TTAACTTCT
16801 TTCTAATGAG GCTTGGTTTT CCATGAACTT TTCCTTTAAA CCAAGGGGGG
16851 TATTGCTCAT CTTTCTGTTG AGCCCCATTT GTCATAATTG TAAAATGGGT
16901 GGTTACATCC TTCTGGTGAT CTAGGAGCCC TATTTTCGTC CTAGCATACA
16951 GCATTTTCT AAAATTTGCT GTTAGCTTTC ATGATTCTTA CCCTAACTAT
17001 TCTTTTTCTA AAAAAACATT GTTTCAGCTT TACCACTCTG ATGAATTCAG
17051 AGCTTATGAC TGGGGAAATG ACGCTGATAA TATGAAACAT TACAATCAGG
17101 TGAGCTATTT ACAGTAACCC CAGCATGCTG ATTTTGATAA ATTATAATAA
17151 AAAATTATTT GAGGGTGGAA AGACTCCTAC CTGTCATTTG GTGGCATTTA
17201 TACTGATAGA ACTTTTTTTT AAAAAAATTT TAATTTTAAT TTTAATTTAT
17251 TTCAGAAAAT TTATAAATTA AAGAAGCATA TACAAAGAAA CTTACATCAT
17301 GTGTAATCCT TCCATCCAGA GATAACTAGA TGTACTAACA TTTTGGTGTA
17351 TTTATTCCAA TTTTCTCAGT ATTATATTGC TTTTAGACAA CTTTTAATCT
17401 TTCTATTTTA CTTAAGCTAT AGTAAGAGAT AACTAATATA ACTGAGGGAT
17451 TTTTAAATGC ATTTTAAATG GCTACATAAT AGAAATTATT TCATAAAAAAT
17501 CTTTACAGCA TAAATGAATA TACACTTTTT AATACCAACA GAAAAATTAG
17551 AATTCCATAT GAAAGTTGAA TAAGTATTAC CCAACATTGA AGACTTGGGT
17601 CGTAAGGCAT CTTTCTCCAT ATAGCTTTAT GACATAAAAA TCTGTAGCCT
17651 TGTTTAGCAC CGTACTTTTA ATTAATCCTG TCACCATTTT TCTGTTCTCA
17701 TAGCCAGGGG CTTGGCTTAT AAGTATGAAC TAAGCAAACCT AAATTAAATT
17751 GTTTTAAAGTA TTTTCCAGG CTATCATATT TTAAGCTATT TACTGGTGCA
17801 ACTATAGATT ATTAATAAGT TGTTTCTGAG GATCAAAACA ATCAGACTAA
17851 TCAATTTCTC AATAATGAAT TGGCCTGTTA GAGGAATAAT TCTACTAATC
17901 CTTAAAACCA CTACAAGAGA TAGACCATGT ATATTTTATT TATTTTAAAT
17951 AATAAGTTTA AGATGTGATT TACATACAAG AACATTACTA ATTTTGTGTG

FIG. 3-8

18001 TCCCATTTAA TAAGTTTTGA CAAATATATT TATTTGTGTA ACCACACCAC
18051 AATCTAAATA TAGGACGTTT ATATCACCAC TAAAAGTTTT TTTCCTGCTC
18101 CTGAGACTAT TTATAGACAC AAATGCGTGT ATTTGCAAAT GCTTAGAAAA
18151 GGTCTAGAAA AAAAAACAGT AAATGTTAAA GTGGTTATCT TCAGAGAGAA
18201 GAAAGAAGAA AAGAAGTGGA TGGACATGAA ACAGTAAAGG ACCCTCATTT
18251 TGGACTTTAC ATATGTCTGT TTTCTTCCAT TATTTTGAAT AAACATGCTA
18301 TATTTATAAA TTATTTACAT TTACAAGAAA ATGAAACAAA ATCAACACGC
18351 ACATTCAAGA TCATTATGGT CAAGTACTAA AGTATGTGAG AGTGTTAATG
18401 TCCTTAGAAT TTGGCCACAG TTAGCTGGTC CTA CTCTGCT CCAAGCCGGT
18451 CCTATTTTGT GAATTAATCT CATTTGATGC CAATTTTAT TACATTCTCT
18501 CCAAAAACT AGTCTCAACA GTTTGCTCTC TCCTCAAGTT CACAGCATT
18551 TCTCTGCTAT ATCTATATTT TATTGAGTAT AAGAGAATTA ACCCATGTAA
18601 GCTCCATGAG GGTAGGGATT TCTCATCGTT TTGTTACCA GTGTTTTCTC
18651 ATCTTGAAGA GTACATGACA ATTACTGGC TCCAGTATC TATGTGTTGC
18701 ATTAATGAAA TTTCTTAACT TTAATCTACC TCAAAATGTC TCTATCTTCT
18751 TGATTCTCTC CTTCTTTCT CTATCAGAAA ATGATGGTCC TCTTATTTTC
18801 CAAGTTATTC CGGTCCTGTG CCCTTGATCC CATCTCTTCT CACTTCCCCT
18851 TCCTTCCTGC CTCCATTCTC CTGTCCCTTA TGAAAAACAA GCAAGACCAT
18901 CAATTCTATC AAGTTATCAT TATGTCACTC TGTTCTTATC AACATATTTT
18951 TAGTATTGAA GAGGGCTTCT TCTACTTACT CCTGAACCTT GTACAATGTA
19001 GTTTAGGTCT TCATCTTTT ATCATAGCTA CCTTATTTAA AGTCACCCAT
19051 GGCTTTTAAT TGCCAAATTC AATGGCCTAT CTTACCTTT TGAAATGTGT
19101 TATGTTGCTT ACCACAGTCT CCTTGAACT CAGTCCCCTG ACTTGGA CT
19151 CCATAACACA ATGATTCTG ATTTTCCTTC TGTTTGATG TGTTCTTTT
19201 GTCCCAGGCA CTGGCTACTC CACCTTCCAC CTCTCTGAAA TCATTAGCAT
19251 TCCCCAAGGA TTCTTCAAAA CTCTCTTCT TCCTTGGAAG AGTCAGCATA
19301 GCTTTAATTT GGACCATTTC TATGGCTTAT CTAGATTTT TCAGGACTTG
19351 CCTTCAACCT ATTCTTTCTG TAGGTGATTC CATTAACTGT TGCCCATATG
19401 GTAGTCCGAA GACAGACCTC CGAGAAATGA CCCTTGCTC CAAA CTCTC
19451 GCAATATGTC CAAATTTCT AGCCTGACAT TCAGACTTTG ATTATCTGCC
19501 TCCAAGTTA TATCCTATCA TATTCCTTA TATATTCTGT TCTCCAGGTA
19551 CACTGGGAAG CTTGCCATTCTGATCATAG CCTACAACT CTTCTGCTC
19601 CCCACTCACC CTCATCTCTG CTGTCAAAAT GCAACCTTCC CTCAGAGTCT
19651 ATTTACACAG ACCCTCTTT CTATGAAGCC CTCAGGTGGA AATAATTTT
19701 TGCCTTTTTT TCCATTTTAT TTTTGAGTG TTTATGGCAT TTAACATACC
19751 TTA CTTTGTA TACAAATATT TGCCTTGCTC CCTCTTTTGC AAATTTCTTA
19801 AAGGTAGAGA CCATTGTATG TTTCTTCAT ATGTTGCTGG TGCCTAACAG
19851 AACTATGGCC ATTGTCCACA TTCATTTAGC AGCCTTTGTA GTTATTGCTT
19901 TGAGGAGCTT CCTCTCATGA ATGCCCTTGC TTTCTCTCCC ACAGAGTCAT
19951 CCCCCTATAT ATGACCTGAC TGCCATGAAA GTGCCTACTG CTATTTGGGC
20001 TGGTGGACAT GATGTCCTG TAACACCCCA GGATGTGGCC AGGATACTCC
20051 CTCAAATCAA GAGTCTTCAT TACTTTAAGC TATTGCCAGA TTGGAACCAC
20101 TTTGATTTTG TCTGGGGCCT CGATGCCCT CAACGGATGT ACAGTGAAAT
20151 CATAGCTTTA ATGAAGGCAT ATTCCTAAAT GCAATGCATT TACTTTTCAA
20201 TTAAAAGTTG CTTCCAAGCC CATAAGGGAC TTAGAAAAA ATGGAACCA

FIG. 3-9

20251 ACAATGAGGT TGTCCCCAG CACCCTGGGG GAGATGCACA GTGGAGTCTG
20301 TTTTCCAAGT CAATTGTGTT AGTGTTATTT ATGTTTAGAG ACATCTTTGC
20351 ATGGGACCAT CTACAGGTCC TTATAAACAA TGAGGTAGAT TAGGCAAAAA
20401 GATAAACAAAG TTGCTACTCT ATCTGGCATT TAAGTCTAAT TAAATTGTAA
20451 TTTTTAGGGC ATACCATGAA GTATAGAAAT GTCTGAAGCT TCAAAGGAAC
20501 AGTGAATTTC CTTTAAGGTC CTATATGGAA ACCTCTGTTG TCATTTTATT
20551 TATATGGATT GCTATGGCAA TGGACAGAGT GTGGGATTAG GAGGAGGGCC
20601 TGTAACCTCT TTATAAAAGT TTCTTAGCTA TCCTGAAGAT GTATAGACAT
20651 TTTTACTTTT TTAGGTATTT TCAACATCAG AAATTCAAAA AAGTCCCCAA
20701 AGATTCTTCC AGAGAAGCCC TCTTTTCTTA CAATCTTATC CCTGGCTATC
20751 TGCCTAAACG GAATCTTGAA CCCATAATAG GATACATGTA TAAAATCTTC
20801 CTTATTAAAG CAGAAATAAA TTGTACAGCA TCAATATCAT TTTATAATCA
20851 TAGGGAGGCT TCTTTGTTTA GCATGTAATG CCCCCTTTAC AGGCTTTTTG
20901 TTCTTTGAGG GGTGTTGAACA TTCCATGAAA AACTGACAGA TAGGAAACTG
20951 ACAATAAAAG ATTGAGCTAA AGATGGAAGC AGAAAGTACT AGGCTAGATA
21001 GTCTCTAAAC ATTAAGTATT TTCTTCCTCC ATCTTAAAAG CAATGAGAAG
21051 CCACCAAAT ATTTTACCTA ATGGAAACCT GATTGCCGCA TTTTGTAAAC
21101 CACCACTTTG GCTGCTACAT AGAGAATGGA TTAGAAGATG CCAACAAAAG
21151 ATTCTGAGCA AGTCTGTAAA TCTGATCAAG TGTTCCTGATG CAGGCTGATA
21201 TCCTTCTGTG CTAAGAGAGA TGATCCTTGG AAAATCCAGA GCCAGCTCCA
21251 TAATACTTTC CTGCTCTGCT GGCAAATCCA CAAGCTGCTG GCCCTGGAG
21301 CCATTCTTCT CTCAAAACTA GCATTCATCA ATTTAATGTA TACGTATTGA
21351 TGGGGAATAA TGGTCACTAT GAAAACCATG TGATAATATG GAAAAATACC
21401 CATGATATAA TGTTATGTGA AGAGAAGAAA ATGAAACTGG TAGAACTATG
21451 TGATTGCAAA TATATACAAA TATTAAAACA ATTATATGAC TTTATAAAAT
21501 ATTTGTATAT AATGAAAACCT GAAGCAATAT AAAAAATAAA ATTAGTTGTG
21551 TCAGGGTAGT AACATGATGA GTGATTAATA GTTTTAAATT TTTAATATAG
21601 TAATGACATA ATGTTACAAC TTGTCCAAAT CTCACAAACA TAATATTCAG
21651 TAAAGGAAGA TAAACATAAA AGAATACATA TTTTATTATA CATTTTATG
21701 TAGGCTAATT GATGGTTCTG AAAGCCTTAA AAAGCTTACT TTTAGGAGGA
21751 GAATCATGCC TTGGAGGACT CTAGGGTCCA GAAAAATGTC CTAATACTAG
21801 AGCTAGGTGC AGTCAGATTA ATTATAATAC ATTTCAATTAT TTTGTCTGGA
21851 ATACCAAGAT GACTTCCAAG CAGGAATGGA GTCTAGCAAC ACTTTACTGA
21901 TGGGGAACCTT GGCCACAGAC TTGTAATACA AATTTTGGGA TATGTTGACA
21951 ATGTTTCTCC TTATTTTCT TACTTATACA AAGCAAGAAA TTTGGCTCAC
22001 AACCTTGAAA CAGACTTACC AGGTTCTCTC AGTTTCCCAA GCCTCAATAT
22051 CTCATTGCTA TTTTAA

(SEQ ID NO: 3)

SNPs:

DNA

Position Major Minor

165 G A

FIG. 3-10

Sequence of

226	A	G
231	T	C
359	A	-
544	G	T
598	C	T
1621	A	G
2330	C	T
2498	A	G
2791	T	C
2877	T	C
2879	T	C
2912	A	G
3076	G	T
3745	C	G
3752	T	-
3762	-	C T
3833	A	G
4399	T	C
4945	A	G
5056	A	G
5280	T	A
5790	A	G
5901	C	T
6457	C	T
6632	T	A
6763	A	G
6955	-	T C
7017	T	G
7151	G	T
7308	C	G
7321	T	C
7542	C	T
8597	T	C
8803	C	T
9016	G	A
9967	T	C
10008	C	T
10363	G	A
10684	T	C
11177	G	T
12345	T	C
12349	C	T
13115	C	T
13354	T	A
13373	C	G

FIG. 3-11

Context:
DNA
Position

FIG. 3-12

[A,G]

TGAGTAACCATCATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGA CTGAGATTTCA
AAAAATACCACAGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTT
ATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGT
ATCCACAGGGCCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAGT
ATTGAAATATATAATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATAT

231

TTATGGCCTAACCTTTTTAACTTTGAGTTATTTTCAAGAGAAAAATTTGAAAAAGCAGCCT
TTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATGTG
TTTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTTACAGGTAGATCCCAAAGTCA
AGGATCTATGTTCAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGAATGAG

[T,C]

AACCATCATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGA CTGAGATTTCAAAAA
TACCACAGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCC
ACAGGGCCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAGTATTGA
AATATATAATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAA

359

CTTTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATG
TGTTTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTTACAGGTAGATCCCAAAGT
CAAGGATCTATGTTCAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGAATGAGTAACCATC
ATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGA CTGAGATTTCAAAAAATACCACA
GGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAAAA

[A,-]

AAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCACAGGGCC
AAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAGTATTGAAATATATA
ATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAAAATATATAT
TACAGAATATATTATTAAATATTGTAGAACAATATATAATACAGAAAAATATATAATACT
CAGTAATATATTAAATACTTATTAAAATAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCAT

544

GCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGA CTGAGATTTCAAAAAATACCACAGGCCT
TCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAAAAAAAAAAA
AGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCACAGGGCCAAGG
AACAAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAGTATTGAAATATATAATAG
AAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAAAATATATATTACA

[G,T]

AATATATTATTAAATATTGTAGAACAATATATAATACAGAAAAATATATAATACTCAGTA
ATATATTAAATACTTATTAAAATAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCATTGTGA
GAAAGTTTCAGCTTTATTTCTTTGACATTACTTTGTTTCTGCACAAACAAAAGAATTACA
GGAATTGTCCAGATTATTCAAATAACTCGAAGTTGAGGAGGGAATATAAGTCAATGATGT
AGAAACTCTTTTAAGATTTGAGCTAGCCTACAATCTGTAAAGATCTGTGAAATTGAACTA

598

AGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAAAA
AAAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCACAGGG
CCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAGTATTGAAATATA

FIG. 3-13

TAATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAAATATAT
ATTACAGAATATATTATTAAATATTGTAGAACAATATATAATACAGAAAAATATATAATA
[C,T]

TCAGTAATATATTAAATACTTATTAAAATAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCA
TTGTGAGAAAAGTTTCAGCTTTATTTCTTTGACATTACTTTGTTTCTGCACAAACAAAAGA
ATTACAGGAATTGTCCAGATTATTCAAATAACTCGAAGTTGAGGAGGGAATATAAGTCAA
TGATGTAGAACTCTTTTAAGATTGAGCTAGCCTACAATCTGTAAAGATCTGTGAAATT
GAACTATATTTGTGCTATTTCCATATTAAGTCAAGGCAACAAATCAATATTAATAATAAT

1621

CGGCTTAAGCTCCACAGGCATACAAAGTGAAGCAGAAAAGTGAAGGCACGTGTGCCTCCAT
TATCTGGTATCTCATGTGGGGCTTAGAGGTAAATTGTCGTTATTTGGCCTCCATTTCTGC
CTTTAACCACTGGTGTAAACAAAGTTACTGTGCCAAAGTTGACAGCAACCCAAATCCCT
TTGGCATGTGAATTAGTTTCTCTGCCATACTGCTAGTTCCAAATTCCTTCTGGTTTCAG
GATTTAGGAGTCAGGGTTGCCTCATCTTCTCAAATGAGTTACAGTCACGCACATCCCTAC
[A,G]

CACTGCATGGTTGGCACTAGTTCCTTGATATATGTTACTCCGTTTGATCCTCATGAAGGA
TCAAATGGGGAAGGGAGATACTATTGTCTCTGATTGTCCATTAAGATCTTGAGTATGTTT
TACTTCCCTGTTTGACACACTGGTTTGAAAATGTTGCTAAGTCTTCCCAACAATGACAGA
TACTCAGTGGAACATGAAGGATTCGTCAACTGGTTATTTTGCATCATGTAGCCACT
ATTTCCCAACCTGCAAGTGCATCATGGCCTTTGGTGTGTGAGGGACACGCCTTGGGTGTG

2330

AAAAGTTCAGAAGTTCCTCATCAATAAGGAGTCCTTGTGAGCAGGTGAAGCTCATCTAAC
TAGGTAAGATGAAGATCTATCATAACCAGGAGGCAGGTGGAAGGTGCCAGTTGCACTGG
CAGTCAGGTGCAAGAGCTCTGCAGTGAGGCTGCCTGAGTGTCCATCCTAGATCTCTCACC
TCTTGGCTCTGTGACCTTGAGCAGGTCTTAAATCTCTCTAAGCCTTTGTTTTTTAATTG
ATAAAATGAGGATAATAATAGTACCAAAATTAGGGAGATTTTCAGAGCTTAAATAACATA
[C,T]

GTGAACTATTTAGAGTAATGCCTGCCATAAGGGGACTCAGTAGCTTATTATTAGTTTCAT
ACAATTTGAAAAGTTTCATAATATTTGCAGATATAAGATGATCTTCAACCAGATAGCTAA
TGTATGCAAAGCTATTTAGCTTCAGAAGTAACTCTGCATTTCTAGAAGTTAAATATTAC
TTTGTATAGTGAATTATCTGTAATATTTATCTCTTGCTCACTTTTATAAGAAAAATAGT
GAAAGCATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACTTAATCCTCACTA

2498

AGATCTCTCACCTCTTGGCTCTGTGACCTTGAGCAGGTCTTAAATCTCTCTAAGCCTTTG
TTTTTTTAATTGATAAAATGAGGATAATAATAGTACCAAAATTAGGGAGATTTTCAGAGC
TTAAATAACATACGTGAACATTTAGAGTAATGCCTGCCATAAGGGGACTCAGTAGCTTA
TTATTAGTTTCATACAATTTGAAAAGTTTCATAATATTTGCAGATATAAGATGATCTTCA
ACCAGATAGCTAATGTATGCAAAGCTATTTAGCTTCAGAAGTAACTCTGCATTTCTAGA
[A,G]

GTAAATATTACTTTGTTATAGTGAATTATCTGTAATATTTATCTCTTGCTCACTTTTAT
AAGAAAAATAGTGAAAGCATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACT
TAATCCTCACTATAACCCTATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACTAACAAGG
AAACCAAGAGACAAAGCTACTAAACACTTGCCTGAGGTAGACATCTTCTCTGTGGTG
AGGCTGGATTTCAAATTTAGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTT

FIG. 3-14

- 2791 TTCTAGAAGTTAAATATTACTTTGTTATAGTGAATTATCTGTAATATTTATCTCTTGCTC
ACTTTTATAAGAAAAATAGTGAAAGCATTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTAT
ATATGACTTAATCCTCACTATAACCCTATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTAC
TAACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCTACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTT
CTGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTTAGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCA
[T, C]
GCTGTTTAGTGTTATAGTGTGGTCTACCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAA
GGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATGTAAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATA
GTCACATCACTAGAACTAATCATAAGCTTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCAT
TTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGGGCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTTTACTT
GGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGAATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAA
- 2877 ATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACTTAATCCTCACTATAACCC
TATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACTAACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCT
ACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTTCTGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTT
AGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTTAGTGTTATAGTGTTGGTC
TACCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAGACTGCACATTGAAATA
[T, C]
GTAAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAACTAATCATAA
GCTTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCATTTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACT
GGGCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTTTACTTGGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCT
GAATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTG
ATTAATAAGACCAAAAATGCCTCCATACTTGATTAAATTTATTTCATTTTAGGAACTG
- 2879 TTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACTTAATCCTCACTATAACCCTA
TGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACTAACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCTAC
TAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTTCTGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTTAG
ACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTTAGTGTTATAGTGTTGGTCTA
CCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATG
[T, C]
AAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAACTAATCATAAGC
TTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCATTTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGG
GCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTTTACTTGGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGA
ATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGAT
TAAAATAAGACCAAAAATGCCTCCATACTTGATTAAATTTATTTCATTTTAGGAACTGGA
- 2912 TATGACTTAATCCTCACTATAACCCTATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACT
AACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCTACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTTC
TGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTTAGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCAT
GCTGTTTAGTGTTATAGTGTTGGTCTACCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAA
GGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATGTAAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATA
[A, G]
TCACATCACTAGAACTAATCATAAGCTTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCATT
TTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGGGCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTTTACTTG
GCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGAATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAAC

FIG. 3-15

AAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGATTAAAAATAAGACCAAAAATGCCTCCATACTTGAT
TAAATTTATTTTATTTTATTTAGGAACTGGATTATAATCAAGACAACCTTCTACATGAAAAATA

3076

CTTATATGATGAGCATGCTGTTTAGTGTTATAGTGTTGGTCTACCTTTGAATAGACATAC
TTTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATGTAAAATTTGCCTTTGGG
TGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAACTAATCATAAGCTTTTGTGTTTGGTTAA
AGTTTTATTGATCCATTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGGGCTTAACTAGGGGATA
CCTCCACTTTTACTTGGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGAATCTTTAGATATTTTG
[G,T]

CAAAATGTAGGCAAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGATTAAAAATAAGACCAAAA
TGCCTCCATACTTGATTAAATTTATTTTATTTTATTTAGGAACTGGATTATAATCAAGACAAC
TCTACATGAAAAATAGATTAATAGTGCTCCAAGTTAGTTCACTGTATTTATTCCTTTTT
ATACATTATCTGCCCTCGGTGTTATTCAAGTTTTTATTAAATCATTAAATAATTTCACTAAT
CATTTTATTTTATTAAATCAACATTGATAGTTAAAATTAATCTGTGAATATTAATGTTTT

3745

TGGTGGATTCCCTTGATTTGGAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAG
TCATGGAAAACGTGAAGAACATCAAATAAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAA
AGGTCCTGTTGTAAACAGAAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACC
TCTGCAAGAGTCAAGCTAGTTAGATCTTTGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGGTAATGAA
AACCAATTTGTGCTATTGTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTAT
[C,G]

TATCTATCTATCTATTTATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTCTTTGAATTTATGT
TTTAAGAATATCAAGCTATTTGTTGATATACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCT
ATTACTTTTAAAGCAAGAGGGGTCTCAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTCA
GAAAGAATGGGTCAATGCTAAATTTTCCCCCAACCCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGA
TATTTTTTAAATTTCTACTTATTTTGTATTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACC

3752

TTCTTGATTTGGAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAGTCATGGA
AACTGTGAAGAACATCAAATAAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCCT
GTTGTAAACAGAAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACCTCTGCAA
GAGTCAAGCTAGTTAGATCTTTGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGGTAATGAAAACCAAA
TTGTGCTATTGTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTA
[T,-]

CTATCTATTTATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTCTTTGAATTTATGTTTTAAGA
ATATCAAGCTATTTGTTGATATACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTT
TTAAAGCAAGAGGGGTCTCAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTGAGAAAGAA
TGGGTCAATGCTAAATTTTCCCCCAACCCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTTTT
TAAATTTCTACTTATTTTGTATTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACCTGGTGCT

3762

TGGAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAGTCATGGAAAACGTGAA
GAACATCAAATAAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCCTGTTGTAAACAG
AAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACCTCTGCAAGAGTCAAGCT
AGTTAGATCTTTGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGGTAATGAAAACCAAAATTGTGCTATT
GTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATT
[-,C,T]

FIG. 3-16

ATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTCTTTTGAATTTATGTTTTAAGAATATCAAGCT
ATTTGTTGATATACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTTTTAAAGCAAG
AGGGGTCTCAAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTCAGAAAGAATGGGTCAATG
CTAAATTTTCCCCCAACCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTTTTTAAAATTCTA
CTTATTTTGTATTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACCTGGTGCTACAAATTTCA

3833

AAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCTGTTGTAACAGAAAATCTCTGA
TAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACCTCTGCAAGAGTCAAGCTAGTTAGATCTT
TGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGTAATGAAACCAAATTGTGCTATTGTGCTATCTAT
CTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATTTATCTATCTAT
CTATAGATAGAACCTCCTCTTTTGAATTTATGTTTTAAGAATATCAAGCTATTTGTTGAT
[A,G]
TACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTTTTAAAGCAAGAGGGGTCTCAA
AAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTCAGAAAGAATGGGTCAATGCTAAATTTCC
CCCAACCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTTTTTAAAATTCTACTATTTTGT
TTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACCTGGTGCTACAAATTTTCAAGATAATTCACC
CTAATAAGCACACAACAGATGGTTTGTGTTTATTCTTTTATATCCTTTGGAGAAGTTC

4399

GTTTTGATTCTTTTTATATCCTTTGGAGAAGTCCACTAACGACTGTATTTTTACTGGG
CAGAGTGAAATCATCATCTACAATGGCTACCCCAAGTGAAGAGTATGAAGTCAACCTGAA
GATGGGTATATACTCCTTGTCAACAGAATTCCTTATGGGCGAACACATGCTAGGAGCACA
GGTACAAGATATGTCTCTCCTGAAAAGGGGACTGCATTGACCTCCTGCTTCTCAGGAGGA
ATTTAATGCTAGATATGCATCAACAGAGTTTATCAAAATTGGTTTGAATTATTGGATTAG
[T,C]
CTTTAAATAGTTATCAGGGAGGCTCACTCTTTCCTGATAATTCTCTGAAGACAGACAGG
AACCTAAAAATACAAACAGCAAGACTGATCTTGCTAACTGCAACCAGAGGTAATGTTAG
GGTGTAACAGAAAGGCAGAGCCTGCATTTTGTACCTCATTACTGATTTATCATGTGGA
AAATTGCTTTGTCCAGGAAAATGGATCCTCTCATTGTCAGAAGGAGATTTTCTAGGTTG
TATGAAATTGACTCTGGGGCACCCAAGAAGAACCTCTCCTGCTCCCACTAAAATTAAGGG

4945

AATTGACTCTGGGGCACCCAAGAAGAACCTCTCCTGCTCCCACTAAAATTAAGGGGCCTC
CCTCTGCAGGATAAAAAACAATCTAGTTAAATGACAACGCATTTCTGAAAAGTTTTCCAG
GACTGAAAACCTTAACATCCACATACACTTTGATCTAAGGGACAGACGGTTCATAGAATG
AAAGAGTATGGTGTCAATAAGGCTTGAATTCTAGAATGAGGAGCCAGCCATGCCATAGCA
GGGGAATGATACTCCTTAAAAGGGAAAATTTAACTACAAATCCTCTGAAGTAGAAATGAT
[A,G]
AGAATAACCAAAATATCTGCAATGGTTCAATAGCAAATAATTTATTGGCAGCTGCTTACC
GTGTTTCATTTTGCATCTTTTTTCCCACCACACATATTAAGGAGCAGCTGAAGTCATGTTT
GACATTCTCTCCCTCTTTTATCTCCAGTTTCAAGATGAAAAATGAGAGTGAGATATGAGT
AGTTTTACTAGTTAAATATGAAACACCCAGTTAAATTTGAAGGTCAGATAAACAACAAA
TAATTTTGTATAAGTCTCATTTTAAGATAATACTAAAAAGTCATTATTTATTCACTATTA

5056

GTTTTCCAGGACTGAAAACCTTAACATCCACATACACTTTGATCTAAGGGACAGACGGTT
CATAGAATGAAAGAGTATGGTGTCAATAAGGCTTGAATTCTAGAATGAGGAGCCAGCCAT
GCCATAGCAGGGGAATGATACTCCTTAAAAGGGAAAATTTAACTACAAATCCTCTGAAGT

FIG. 3-17

AGAAATGATAAGAATAACCAAAATATCTGCAATGGTTCAATAGCAAATAATTTATTGGCA
GCTGCTTACCGTGTTTCATTTTGCATCTTTTTCCACCACACATATTAAGGAGCAGCTGA
[A, G]

GTCATGTTTGACATTCTCTCCCTCTTTTATCTCCAGTTTCAGAATGAAAAATGAGAGTGA
GATATGAGTAGTTTTACTAGTTAAAAATATGAAACACCCAGTTAAATTTGAAGGTCAGATA
AACAACAAATAATTTTGTATAAGTCTCATTTTAAGATAATACTAAAAAGTCATTATTTAT
TCACTATTATCACTATTTATAAAATTTTGTAGAGCATCCTGGATCTTTTTGCTTACTTTT
GTTTTATTTTTTGTCTAAATCTGGCAATCCCAGGCACATGTGTGAAGGAGCTGTGAAATA

5280

AAATAATTTATTGGCAGCTGCTTACCGTGTTTCATTTTGCATCTTTTTCCACCACACAT
ATTAAGGAGCAGCTGAAGTCATGTTTGACATTCTCTCCCTCTTTTATCTCCAGTTTCAGA
ATGAAAAATGAGAGTGAGATATGAGTAGTTTTACTAGTTAAAAATATGAAACACCCAGTTA
AATTTGAAGGTCAGATAAACAACAAATAATTTTGTATAAGTCTCATTTTAAGATAATACT
AAAAAGTCATTATTTATTCACTATTATCACTATTTATAAAATTTTGTAGAGCATCCTGGA
[T, A]

CTTTTTGCTTACTTTTTGTTTTATTTTTTGTCTAAATCTGGCAATCCCAGGCACATGTGTG
AAGGAGCTGTGAAATATAAAAGGAGAAAACTTTTATGGGAAAGATTTGGCTTAAGGAGAG
ATAATTTTGGAAAGATTTAGAATTAAAGATCATTATTAGATGTAATGTTCTAAATACTT
TATATCAGTTAACTTCTCATCAACAATATGAGATGGGTACCACTAATAGTCACCATTTTC
ACAAATGATGAAATTAAGGCACAACCGTTATGTTAAGAGGCCTAAAGTCCACAAATAGC

5790

TGAGATGGGTACCACTAATAGTCACCATTTACAAATGATGAAATTAAGGCACAACCGGT
TATGTTAAGAGGCCTAAAGTCCACAAATAGCAAGCTGACAGACCAGAATTTAAGCCCAGG
CATGCTGGCTCCAGAGCCTGTGCTCTTAGTCATTAAATTATAGTGCCTTACTTGACCTTC
CACCTTGGTTACTTTGGATCTCCCTGAATGCTCTCTCTCCCTCAGAAATACTGGAAGTTG
GCAGAGGGACACTGAGCTGAGCATATTATTGTAGTTTTTAAATGCTCTCCACTGGACAGA
[A, G]

GATGGGGGATTTGAATAGAAATTTGGTGAGGAACTAATCAGTGTCCATTTACACTCACCT
CCTCTTCCCTCCCTGGAAGAGCTATAGGACTTGAGTAAGCATGATAAATTTCTGTCTTTG
TAAACCACACCCAGGAAATTTGTATATACAAATACATAGAGCACAGTAGTTATCAGGACA
GACTTTGACATAAAAAAGAACTGGGTTTGAGTCCCTGCTCTGGCCTTCTTATCTGGGTGGC
CCTCTGGGAAAGTTACTTAACTACATAAAGTTTTGTTTCCATATCTACAAATGAGGTTT

5901

AAGCCCAGGCATGCTGGCTCCAGAGCCTGTGCTCTTAGTCATTAAATTATAGTGCCTTAC
TTGACCTTCCACCCTGGTTACTTTGGATCTCCCTGAATGCTCTCTCTCCCTCAGAAATAC
TGGAAGTTGGCAGAGGGACACTGAGCTGAGCATATTATTGTAGTTTTTAAATGCTCTCCA
CTGGACAGAAGATGGGGGATTTGAATAGAAATTTGGTGAGGAACTAATCAGTGTCCATTT
ACACTCACCTCCTCTTCCCTCCCTGGAAGAGCTATAGGACTTGAGTAAGCATGATAAATTT
[C, T]

GTGTCTTTGTAAACCACACCCAGGAAATTTGTATATACAAATACATAGAGCACAGTAGTT
ATCAGGACAGACTTTGACATAAAAAAGAACTGGGTTTGAGTCCCTGCTCTGGCCTTCTTAT
CTGGGTGGCCCTCTGGGAAAGTTACTTAACTACATAAAGTTTTGTTTCCATATCTACAAA
ATGAGGTTTCTCAAAATAGCAGCTAGTTTATAGAGTTGTTGCAAGAATTTAGTAAGCTAA
TACATATAAATACGTCAACATAGCACCAGGTACAAAAATATGTGCTCAAGAACTGAAGT

FIG. 3-18

6457 CAACATAGCACCAGGTACAAAAATATGTGCTCAAGAACTGAAGTTACCTGATTATAATG
CTCTATACTATTGACAAGGGAAAAGTGAAAACAGTTTTTGTTTTACCATGTGTGTATGTG
TGTGTGTCTGTGATGTTCCGACATGCTCTATTTAACATAAATTACTCTCACTCTTTCTC
TCTCTCTTTCTCTTTCTCCCTCTCTCATCTTACCCTTTCCCCACCAGGTCCCCGGCC
AGTTGTGTATATGCAGCATGCCCTGTTGCAGACAATGCCTACTGGCTTGAGAATTATGC
[C,T]
AATGGAAGCCTTGGATTCCCTTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGGAAACAGT
CGGGGAAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAATTCTGG
GCCTTTAGGTAAATATTAGCTAAGAAAACCAAGGGGAAATTGGAGGCAATTTTAAAAA
AATAACGTGGACGCTATTAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCTTGTAG
TTTCTGTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTC

6632 TTCTCTCTCTCTTTCTCTTTCTCCCTCTCTCATCTTACCCTTTCCCCACCAGGTCCC
CGGCCAGTTGTGTATATGCAGCATGCCCTGTTTGACAGACAATGCCTACTGGCTTGAGAAT
TATGCCAATGGAAGCCTTGGATTCCCTTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGGA
AACAGTCGGGGAAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAA
TTCTGGGCCTTTAGGTAAATATTAGCTAAGAAAACCAAGGGGAAATTGGAGGCAATTT
[T,A]
AAAAAATAACGTGGACGCTATTAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCT
TGAGTTTCTGTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGA
TTCTCCCAAGCAAAGTATGGCATTCAACAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAA
TTCTATGCATTAAAAGTATGTCCAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGC
ACATTCATTAGCCAATGTTTACTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAAC

6763 AAGCCTTGGATTCCCTTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGGAAACAGTCGGGG
AAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAATTCTGGGCCTT
TAGGTAAATATTAGCTAAGAAAACCAAGGGGAAATTGGAGGCAATTTTAAAAAATAA
CGTGGACGCTATTAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCTTGTAGTTCT
GTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTCCACA
[A,G]
GCAAAGTATGGCATTCAACAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATT
AAAAGTATGTCCAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTATTCA
GCCAATGTTTACTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAACATTCAAACAGG
GAACAGACAACTCTGACCTCACAAAGCTTATGTTCAATTTAGTGATAATTTACAAGTC
ATTGCTCCTGGATTGCCAATCACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATT

6955 TAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCTTGTAGTTTCTGTTAAGATCTCA
AAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTCCACAAGCAAAGTATGG
CATTTCAACAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATTAAAAGTATGTC
CAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTATTAGCCAATGTTTA
CTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAACATTCAAACAGGGAACAGACAAA
[-,T,C]
TCTGACCTCACAAAGCTTATGTTCAATTTAGTGATAATTTACAAGTCATTGCTCCTGGA
TTGCCAATCACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGT
GATTGATTTAGAGAACTGAGATCGACATAGTACCATTTTCAGGAAAACCTCAATATTA

FIG. 3-19

GATTTTTAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCTTGTTTCTT
TTAATGGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTC

7017

GGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCTACTGATTCTCCACAAGCAAAGTATGGCA
TTTCAACAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATTAAAAGTATGTCCA
AAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTCATTAGCCAATGTTTACT
GAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAACATTCAAACAGGGAACAGACAACT
CTGACCTCACAAAGCTTATGTTCAATTTAGTGATAATTTTACAAGTCATTGCTCCTGGAT
[T, G]
GCCAATCAACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGTGA
TTGATTTAGAGAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAAACCTCCAATATTAGA
TTTTTAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCTTGTTTCTTTT
AATGGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTCTT
TCTTCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTC

7151

GAAATTATCATGACCAATGTGCACATTCATTAGCCAATGTTTACTGAGTGGCTACTGTA
TGCGCTGTTCTAGGCCCCGAACATTCAAACAGGGAACAGACAACTCTGACCTCACAAAG
CTTATGTTCAATTTAGTGATAATTTTACAAGTCATTGCTCCTGGATTGCCAATCAACTGT
GTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGTGATTGATTTAGAGAA
ACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAAACCTCCAATATTAGATTTTTAAACCTT
[G, T]
TTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCTTGTTTCTTTTAAATGGAAGAGTTTT
CTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTCTTCTTCAGGCCTAAG
CTCCCTGTTGGTTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTCTATTACATTAATA
AAACATTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGAATAGTGGAGGAATAGAATAGAATGTTATAG
TCTGAGTTCCTGGGCAGGGGCAAGCATCAGGAAATATTGAATCATTAGTCTTTAGGAGGT

7308

CTCCTGGATTGCCAATCAACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGA
GAACTGTGATTGATTTAGAGAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAAACCTC
CAATATTAGATTTTTAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCT
TGTTTCTTTAATGGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATA
GACTTTTCTTCTTCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGA
[C, G]
TGTGTATTCTATTACATTAATAAAACATTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGAATAGTGG
AGGAATAGAATAGAATGTTATAGTCTGAGTCTTGGGCAGGGGCAAGCATCAGGAAATAT
TGAATCATTAGTCTTAGGAGGTGTCACAACAATTCTCCTATTCTTGTAAGTCCCAATCT
ATAGATTTCTCACATGTTCTTTAATAAACAGGCTTCTAGCTTATGGAATACCTGATTT
GACTAAATGTTATATAGGCCCTTTTGTTCCTCCTGTCTGAAGAACAAAATACTAGTACTA

7321

AATCAACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGTGATTG
ATTTAGAGAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAAACCTCCAATATTAGATTT
TTAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCTTGTTTCTTTTAA
GGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTCTTCT
TCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTCCTA
[T, C]

FIG. 3-20

TACATTAATAAAACATTTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGAATAGTGGAGGAATAGAATAG
AATGTTATAGTCTGAGTTCCTTGGGCAGGGGCAAGCATCAGGAAATATTGAATCATTAGTC
TTTAGGAGGTGTCAACAATTCTCCTATTCTTGTAAGTCCCAATCTATAGATTTCTCA
CATGTTCTTTTAATAAACAGGCTTCTAGCTTATGGAATACCTGATTTGACTAAATGTTAT
ATAGGCCCTTTTGTTCCTCCTGTCTGAAGAACAAAATACTAGTACTATGGAATATTGGTA

7542

GCGATAGACTTTTCTTTCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAAACCTGATGCTAG
AACAGACTGTGTATTTCCTATTACATTAATAAAACATTTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGA
ATAGTGGAGGAATAGAATAGAATGTTATAGTCTGAGTTCCTTGGGCAGGGGCAAGCATCAG
GAAATATTGAATCATTAGTCTTAGGAGGTGTCAACAATTCTCCTATTCTTGTAAGTC
CCAATCTATAGATTTCTCAGATGTTCTTTAATAAACAGGCTTCTAGCTTATGGAATAC
[C,T]
TGATTTGACTAAATGTTATATAGGCCCTTTTGTTCCTCCTGTCTGAAGAACAAAATACTA
GTAATGGAATATTGGTATATATTAAATATATATCTATATATCCATGTGGACAGGAATA
CTACTACTAACAACATCTTACTGAGCACCCACTGGCAGCCAGAGTCGTTTCTTTCATACT
ATTAAACCCCGTTAGCAGCCCCGTAAACCAGGTACTACCCTGTTTATTTCCCAATGAGA
AAACATAGGCTCAGAGCATTTTCAGTAATTTCTCAAGAGTTGCAAAGGCCATAAATAGTAG

8597

ATAAACTGGTCAGGAGAAATTGTATTTTCATTGGACATTCACCTGGCACTACAATAGGTA
TGTTTATGAGGGTCACTGTTAGGTGTGTTTTGAGGGTCAGTTTCTCAGAGTCTTACAG
GAGTTCACCTTTATGTTGGAATAAAACAACCTGTTACTTATAGTGCCCTCAATTCCTGTC
CTCTGCTGGGAATAACCCTAGTACTCTAAGTAGCTGTGAGCCTGCAGTGCACAGACTATA
TGTAGGGCAAACCTTTCTGGGTCTCTGGTCACAGCAGCATATTGACTACGGTGATGCAA
[T,C]
TTCCCAGGAATAACATGTGTTCCAAATTCAAAGAAATAATTCCACAGAGTAAGTTTCTAG
ATTCCCTCTGAGCTGAAAAAGTAAATTTCAATGCCATGGAATATGGCTGAAACATAATAA
ATGTGCATCAATCATCTCTTTCTCACAACCCAAATGGGATTTTTAAAAAATAAAAGGGAA
GGGCTTATACCTATATTTAAACAAATTGAAAAGGCATGGTTATATTTGTTTGTGAGTTGG
AACACACAAGCTTACTATAATAAATCAATTGAGCTTATCTATTCAGTGTGTGATTTAGTA

8803

TAAGTAGCTGTGAGCCTGCAGTGCACAGACTATATGTAGGGCAAACCTTTCTGGGTCTC
TGGTCACAGCAGCATATTGACTACGGTGATGCAATTTCCAGGAATAACATGTGTTCCAA
ATTCAAAGAAATAATTCCACAGAGTAAGTTTCTAGATTCCTCTGAGCTGAAAAAGTAA
ATTCAATGCCATGGAATATGGCTGAAACATAATAAATGTGCATCAATCATCTCTTTCTCA
CAACCCAAATGGGATTTTTAAAAAATAAAAGGGAAGGGCTTATACCTATATTTAAACAAA
[C,T]
TGAAAAGGCATGGTTATATTTGTTTGTGAGTTGGAACACACAAGCTTACTATAATAAATC
AATTGAGCTTATCTATTCAGTGTGTGATTTAGTATTTATGAAATAGCAAGTAAATGTAAG
CACTATGTAGAAATTTCTAAAGTTTTTAAAGCTGACAACTTACTTCTTAATTTACTTACT
TTACTTAATTTACTTTACAATTTACTTTCCAGGTATTTTGAAAGAAATCAATAATCTAG
TTCCAAGTAAAAGTTGAAAGGAACCCACACTAATAAAAGCTTTGAATTTGTCATTGAAT

9016

AAATGTGCATCAATCATCTCTTTCTCACAACCCAAATGGGATTTTTAAAAAATAAAAGGG
AAGGGCTTATACCTATATTTAAACAAATTGAAAAGGCATGGTTATATTTGTTTGTGAGTT
GGAACACACAAGCTTACTATAATAAATCAATTGAGCTTATCTATTCAGTGTGTGATTTAG

FIG. 3-21

TATTTATGAAATAGCAAGTAAATGTAAGCACTATGTAGAAATTTCTAAAGTTTTTTAAGC
TGACAACTTACTTCTTAATTTACTTACTTTACTTAATTTACTTTACAATTTACTTTCCAG
[G,A]

TATTTTGGAAAAGAAATCAATAATCTAGTTCCAAGTAAAAGTTGAAAGGAACCCACACTAA
TAAAAGCTTTGAATTTGTCATTGAACCTCCACTAAAGTTTCCAATTTTAAGAGAATAAAT
CATGTGAAAGTGCAATATTTTCAGTTTAGGGAAATATTTTCATTATCACCCTATCATCAG
TAACAAACATATATTCATTAGTATTTTAGATTGACAGGCACTTTCCAAGCTCAGAACAGG
CAGTTAGCATCAGTCAGCATATACTAAAAAAGTATCAAAGAACTCATAGGAGATCAAAAA

9967

GTTTCATTTAGGACATAAATATTTTTAGTGACTGTTGTTTGCATTTTGGACAGAGCAATT
TCTGTTATGTAAGGAGCACCCACTCTTTGTAGGACATTTAGTAGGTCCCAGCCCATTA
CAGGGCTCTGCAGTCAGCGTGACCCTCAAAAATCTCACCTCCACACATTTCCAAACACCC
TCTGGGGAAGTACTATTCCTGATTGAGAGTCTTTTATCAATTGTTTCAGTCAATTATTT
AGTTCTTCTTTTTCTGGCCAAGACAGTTTTAATGTTCCAACAAGTGTTTCAGTACACACA
[T,C]

ACACACACACACACACACACACACACACACACACATGCTAGTGGAGGCCAGGAAGGG
ACCTCTGGAAACCAAATTATATGGATATTCTCCCTAGCCTACCCAGTGTTGTGCTAATCT
CCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTACTGCTGAAAGAGCAAAGCAAATGGA
GATGCCTGGTCCTTACTGGGCCATCGTGGATGCTAGGGAAAGCCCCTTTCTTTTTGGAAA
CAGGGAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGTAAGACACTGGGAGCAGTGAAATTT

10008

CATTTTGGACAGAGCAATTTCTGTTATGTAAGGAGCACCCACTCTTTGTAGGACATTTAG
TAGGTCCCAGCCCATTAACAGGGCTCTGCAGTCAGCGTGACCCTCAAAAATCTCACCTC
CACACATTTCCAAACACCCTCTGGGGAAGTACTATTCCTGATTGAGAGTCTTTTATCAA
TTGTTTCAGTCAATTATTTTCAGTTCTTCTTTTTCTGGCCAAGACAGTTTTAATGTTCCAAC
AAGTGTTTCAGTACACACATACACACACACACACACACACACACACACACACATGC
[C,T]

AGTGGAGGCCAGGAAGGGACCTCTGGAAACCAAATTATATGGATATTCTCCCTAGCCTA
CCCAGTGTTGTGCTAATCTCCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTACTGCTG
AAAGAGCAAAGCAAATGGAGATGCCTGGTCCTTACTGGGCCATCGTGGATGCTAGGGAAA
GCCCCTTTCTTTTTGGAAACAGGGAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGTAAGACA
CTGGGAGCAGTGAAATTTATTCCATAGTGAGAAAGAAAACCTGTTAGAATAACTGGGTG

10363

AGCCTACCCAGTGTTGTGCTAATCTCCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTA
CTGCTGAAAGAGCAAAGCAAATGGAGATGCCTGGTCCTTACTGGGCCATCGTGGATGCTA
GGGAAAGCCCCCTTTCTTTTTGGAAACAGGGAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGT
AAGACACTGGGAGCAGTGAAATTTATTCCATAGTGAGAAAGAAAACCTGTTAGAATAAC
TGGGTGATGCTGCAGAAAGAAATCAATTCACCTCCTGTGACTGATTATTTGCTTCTGGAA
[G,A]

CTCTGTGATTCAATCTGGCATCTCAGAGTTAGGGATGAAATGAGAATGTTGCCAGCATTT
ACCCCATGCTTGGGAAGTTACACAGCAGTAGCTACTCCAGCAGCTTAACCATCACCTTT
CCCCTGCCAACTACTCCATTTCCCCAATCAAGTCAAAGTGTCCATAAATAGAATAAAAT
AAAATTGGAGACTTGAGAGCAGAGAAGACTGAAGGCAGATTATCTTTATAGAATAACTCA
GAAGACTTCCAATTCATCCCCAGTATGATCACGATAGAAGGAAAAAATGACTAAGCAGAG

FIG. 3-22

10684 TCTCAGAGTTAGGGATGAAATGAGAATGTTGCCAGCATTTACCCCATGCTTGGGAAGTTT
ACACAGCAGTAGCTACTCCAGCAGCTTAACCATCACCTTTCCCCTGCCAACTACTCCATT
TCCCCCAATCAAGTCAAAGTGTCCATAAATAGAATAAAATAAAATTGGAGACTTGAGAGC
AGAGAAGACTGAAGGCAGATTATCTTTATAGAATAACTCAGAAGACTTCCAATTCATCCC
CAGTATGATCACGATAGAAGGAAAAAATGACTAAGCAGAGCCCCAATTTTGTAGAAACA
[T, C]
TGCGTAAGTATTTATTTTACAAGATTGTCTTATCTCCTGTTCTCTCAGGGTTTGTAGCC
TTTTCCACCATGCCTGAACTGGCACAAGAATCAAAATGAATTTGCCTTGGGTCTACG
ATCTCATTCAAATATCCCACGGGCATTTTACCAGGTTTTTCTACTTCCAAATCCATA
ATCAAGGTAGGCTCCTTTCAACAAAATGTACCTGAGGATCTCATTTTGGATCATAAATCC
TTATTATTTTCAAATCTACTGTAAAGTAAAAGTAGGAAATTTAGATAAAATCTATAGAAC

11177 TCCTTTCAACAAAATGTACCTGAGGATCTCATTTTGGATCATAAATCCTTATTATTTTCA
AATCTACTGTAAAGTAAAAGTAGGAAATTTAGATAAAATCTATAGAACTTAGACTCTGTG
GGTATGTGCTGTGTATGTGTGCCCTGCGTGTGCGCATGTCTGTGCCATAGTATCTGCA
GGTCTGTGAATACAATTTACTATACAAGGTCATCAGCAGGCTGAGTATATGTCAGAATTT
CTAGCTGAACTGAGTGCTATATGACAACAAGGATTTTCTTGTTTTCCCAAGTGTTTTT
[G, T]
TTCCATTTAGTCAGGTAGGTCAATGAATTCACATTGCCCAAATGAAAGACACTTCAAGTT
ACCCATAATCACTGATGTGTCCAATTTTGACATTAGAAAAACCTGATTAATATATTCCTT
CCAATATGGAACTTGCCCTAATAACTAAAGCTAAGATTCCAAAGCCTAAATGTATTACA
GCTCAAGTATTAATTCAAATATTTATTGGTTATTTTTCAGGAGTTGAAAAAGTCATTTGG
TTGCCAATTGTGGATTTGGGATTTTATCTATTAAAGGGTTTTTTTTTTTTTCTCTTTCG

12345 TTTAAGTCCCATATCCTGCTCTTTTCTTCCGTCAGTTTCCCCCAGAAGCTCCAAGACCCC
ACCAGGAATCCCCATCCAAGTTTACTTTCCCAACTCCTGGAAGTTTCAATTGTGCTGCCT
TTGTGACATTATCATATCTTTTCTGTTCAATGGTTGCTTCTCTTTGGCTCACTGTTCTCT
ACTTTTCAGCCTGAGAGCTGGCTAATCTGGGACAGTACTCGAATGCAGTGACACATGGG
TAACATGGAAAAACCCCGATTTCCCTTATATTCAAGGTATTATTTGACCTTAAGAAAAAC
[T, C]
GTTTTACATTTTCATACCAATTAATGAGAAAAAAATATTGGCAAGCACTGACTGGGCAGAA
TACAGGGAAGCTTCACTATGGAGAAGTGAATTTGGGATTGAGGGCCTTTATTGCAATCTC
CTTGTAATAATATTTGATACTCTTCTCATCTGGAGACACATTCCTAAGTAACTTTTCC
TGAATAATTTGGTCTCCTTGACTGAATCAGTAAGTACAAATAGATCCCCAAGCATGGCTC
TTTCCTAGAATGAAAGAAATGTCAAGAAGTCTGAAGATGATTCTTGAATTTTGGTTTTTT

12349 AGTCCCATATCCTGCTCTTTTCTTCCGTCAGTTTCCCCCAGAAGCTCCAAGACCCCACCA
GGAATCCCCATCCAAGTTTACTTTCCCAACTCCTGGAAGTTTCAATTGTGCTGCCTTTGT
GACATTATCATATCTTTTCTGTTCAATGGTTGCTTCTCTTTGGCTCACTGTTCTCTACTT
TTCAGCCTGAGAGCTGGCTAATCTGGGACAGTACTCGAATGCAGTGACACATGGGTAAC
ATGGAAAACCCCGATTTCCCTTATATTCAAGGTATTATTTGACCTTAAGAAAAACTGTT
[C, T]
TACATTTTCATACCAATTAATGAGAAAAAAATATTGGCAAGCACTGACTGGGCAGAATACA
GGGAAGCTTCACTATGGAGAAGTGAATTTGGGATTGAGGGCCTTTATTGCAATCTCCTTG
TAAATAATATTTGATACTCTTCTCATCTGGAGACACATTCCTAAGTAACTTTTCTGAA

FIG. 3-23

TAATTTGGTCTCCTTGACTGAATCAGTAAGTACAAATAGATCCCCAAGCATGGCTCTTTC
CTAGAATGAAAGAAATGTCAAGAAGTCTGAAGATGATTCTTGAATTTTGGTTTTTGGCTA

13115 TAGAAGATAAGAAAACGAAGATAGCTTCTACCAAAATCTGCAACAATAAGATACTCTGGT
TGATATGTAGCGAATTTATGTCCTTATGGGCTGGATCCAACAAGAAAAATATGAATCAGG
TATGTATGATAATTATAGGGCCATTTGATACCTTAAGAAATTCAGCTTTCCTTTGACTC
ATTTTGATATATCTATTTACTGTATAAAATTCATATGGTATTCCAAACCCTTAAAGACAGA
TTTTTTTTTGGCTTTTAAAAATGTTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTTATGAGACA
[C,T]

ATATATTTTGATATAAGCATACAATGTGTAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATCCA
TCACCTCAAGCATTTATCATTTCTTTTTGTTAGAGACATTCTAATTTGACTCTTCTAGTT
ATTTTGAAATATACAATGAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGACT
TAGTCCTTCTAACGGTATTTTGGTACCCATTAACCAATGCCTCTTTATCCTTCCCCCAC
CCCTACTACCTTTCCCAGCCTCTGGTAACCATCATTCTTCTCACTATCTCTATAAGGTCA

13354 ATTTTTTTTTGCTTTTAAAAATGTTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTTATGAGAC
ACATATATTTTGATATAAGCATACAATGTGTAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATC
CATCACCTCAAGCATTTATCATTTCTTTTTGTTAGAGACATTCTAATTTGACTCTTCTAG
TTATTTTGAAATATACAATGAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGA
CTTAGTCCTTCTAACGGTATTTTGGTACCCATTAACCAATGCCTCTTTATCCTTCCCCC
[T,A]

CCCCTACTACCTTTCCCAGCCTCTGGTAACCATCATTCTTCTCACTATCTCTATAAGGTC
AGTTTTTTTTTAAACTCCCCTATATGAGTGAGAACATGCAGTATTTGTCTTTTTGTGCCT
GGCTTATTTCACTTAATGTAATGTTCTCTAATTTATCCACATTATTGCAAATGACATGA
TTTCATTCTTCTTATGGCTGTCTATATGTACCACATTTTATTTATCCACTCATCTGTTGA
TGGACACTTAGGCTGATTTTCATATCTTGGTCATTGTGAATAGTGCTGTAACATGGG

13373 AATGTTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTTATGAGACACATATATTTTGATATAAG
CATACAATGTGTAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATCCATCACCTCAAGCATTTAT
CATTTCTTTTTGTTAGAGACATTCTAATTTGACTCTTCTAGTTATTTTGAAATATACAAT
GAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGACTTAGTCCTTCTAACGGT
ATTTTGGTACCCATTAACCAATGCCTCTTTATCCTTCCCCCACCCTACTACCTTTCCCA
[C,G]

CCTCTGGTAACCATCATTCTTCTCACTATCTCTATAAGGTCAGTTTTTTTTTAAACTCCC
CTATATGAGTGAGAACATGCAGTATTTGTCTTTTTGTGCCTGGCTTATTTCACTTAATGT
AATGTTCTCTAATTTATCCACATTATTGCAAATGACATGATTTCACTCTTCTTATGGCT
GTCTATATGTACCACATTTTATTTATCCACTCATCTGTTGATGGACACTTAGGCTGATTT
CATATCTTGGTCATTGTGAATAGTGCTGTAACATGGGGGTGCAGATGTCTCTTCCA

14677 AGAGATAGAGATCTAATTTCACTCTTCTGCATATGGATATCTAGTTTTCCCAGCATCATT
TCTTGTGGAAATGTCCCTTTGCCCAATGTATGTTCTTGATGCCTTTGTTGAAAATTAGTT
GACTATAAATGTGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTC
TGTTTTTATGCCAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGTAGTATAATTTGAAGT
CAGGTCATGTGATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAAAAC
[C,G]

FIG. 3-24

TAAAGACTCCAACAAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCAGGAT
ACAACATCAACATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTTAAA
AAAAAGAAAGAAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAATAAA
ACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACCTATAAAAC
ACTGATGAAAGAAATTGAAAATGACATTAAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATGGAT

14734 ATTTCTTGTTGAAATTGTCCTTTGCCCAATGTATGTTCTTGATGCCTTTGTTGAAAATTA
GTTGACTATAAATGTGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGT
GTCTGTTTTATGCCAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGTAGTATAATTTGA
AGTCAGGTCATGTGATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAA
AACGTAAAGACTCCAACAAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCA
[G,A]
GATACAACATCAACATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTT
AAAAAAGAAAGAAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAAT
AAAACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACCTATAA
AACACTGATGAAAGAAATTGAAAATGACATTAAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATG
GATTGCAAGAATCAATATTGTTAAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAA

14747 ATTGTCCTTTGCCCAATGTATGTTCTTGATGCCTTTGTTGAAAATTAGTTGACTATAAAT
GTGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTCTGTTTTATG
CCAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGTAGTATAATTTGAAGTCAGGTCATGT
GATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAAAACGTAAAGACTC
CAACAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCAGGATACAACATCA
[A,G]
CATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTTAAAAAAGAAAG
AAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAATAAACACCTAGGA
ATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACCTATAAACACTGATGAAA
GAAATTGAAAATGACATTAAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATGGATTGCAAGAATC
AATATTGTTAAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAATGCAATCCCTATC

14808 TGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTCTGTTTTATGC
CAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGTAGTATAATTTGAAGTCAGGTCATGTG
ATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAAAACGTAAAGACTCC
AACAAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCAGGATACAACATCAA
CATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTTAAAAAAGAAAG
[-,A]
AAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAATAAACACCTAGGAA
TAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACCTATAAACACTGATGAAAG
AAATTGAAAATGACATTAAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATGGATTGCAAGAATCA
ATATTGTTAAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAATGCAATCCCTATCA
AAATACCAATGACATTCTTCATTGAAATAAAAAAAGCCTAAATTTAAGTGAACCAT

15086 AATAATCTTAAAAAAGAAAGAAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTAC
AAATAAAATAAACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGA
AAACTATAAACACTGATGAAAGAAATTGAAAATGACATTAAAAAATGGAAAGGTATTCC

FIG. 3-25

ATGTTTCATGGATTGCAAGAATCAATATTGTTAAAAATGTCCATATGATCCAAAAACAATCTA
CAGATTCAATGCAATCCCTATCAAAATACCAATGACATTCTTCATTGAAATAAAAA
[- ,A,G]

CCTAAAAATTTAAGTGGAACCATGAAGGTAGATGTCTGCTATACATAGAAGATTAAGTACT
CAACAAACCTTGAATATGAAGACTGGGGAAGTGAATAGGCAGCTTCACTCTTCTATTCCC
TGGTGAAATTTAGGAGAATGGATGTTTTATAATGGGTAGCAGTTTCTTACATGTTCTCAA
TCAGCCATAACTTACTACAGTCAATTTGAATTTATTGCATTTGAATATATTGGATTAAAA
ATAAAATCCTAAAAAAGGAGAGAAGCACATATAAACCTGCGTCTTATTTTCATGTGTTCCCT

15414 TAGATGTCTGCTATACATAGAAGATTAAGTACTCAACAAACCTTGAATATGAAGACTGGG
GAAGTGAATAGGCAGCTTCACTCTTCTATTCCCTGGTGAAATTTAGGAGAATGGATGTTT
TATAATGGGTAGCAGTTTCTTACATGTTCTCAATCAGCCATAACTTACTACAGTCAATTT
GAATTTATTGCATTTGAATATATTGGATTAAAAATAAAATCCTAAAAAAGGAGAGAAGCA
CATATAAACCTGCGTCTTATTTTCATGTGTTCCCTTCTTTGTGGGTGACTTTTGTTTTGAA
[A,G]

TAAACCTGCAAAATAACAGGACAGGGTGGAAGGGAGATGGGATCCCCTCTTTATGAAGA
AGCAGCAGTCCTGTTTTATCACCTCTTCATTTTCTGTTATTGAGAATTCAGAAGAAGGA
GGAGGAAGAGTTCACATCCACAGACTGGTGTGGTTGAATAGTTGTCTCTACTGTATTCCA
AATAGCAGCCAATGAGGCTGTTACAGTGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCC
TATTCTCTAAGAAGCTAAATTGTGTTAGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGT

15722 TGCAAAATAACAGGACAGGGTGGAAGGGAGATGGGATCCCCTCTTTATGAAGAAGCAGCA
GTCCTGTTTTATCACCTCTTCATTTTCTGTTATTGAGAATTCAGAAGAAGGAGGAGGAA
GAGTTCACATCCACAGACTGGTGTGGTTGAATAGTTGTCTCTACTGTATTCCAAATAGCA
GCCAATGAGGCTGTTACAGTGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCCTATTCTC
TAAGAAGCTAAATTGTGTTAGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGTTGGCTTG
[T,C]

TCAAAAGTAAAGATTTTTAATAGTTTCTCTTAATTAGATTATTTTCTAAGACATAGAATT
ATGATTACTATTTTATCTCTATAATTTTCATCTCTATAACGTTTACAAATACTGAAATAA
CCTTTGGAAAAAATTGGCTTTTAGCTTTACTTTTGCAATATTTTATTTTATCCCATAAA
AGCCTAGGAAATTGGTACTATGACTTTTAGTATGTTCAATTAATAGATGAAAACACAGAA
ACTCAAAGATGTTAAATATGGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAAACAACAACAGGG

15861 GGTGTGGTTGAATAGTTGTCTCTACTGTATTCCAAATAGCAGCCAATGAGGCTGTTACAG
TGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCCTATTCTCTAAGAAGCTAAATTGTGTT
AGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGTTGGCTTGTCAAAGTAAAGATTTTT
AATAGTTTCTCTTAATTAGATTATTTTCTAAGACATAGAATTATGATTACTATTTTATCT
CTATAATTTTCATCTCTATAACGTTTACAAATACTGAAATAACCTTTGGAAAAAATTGGC
[T,C]

TTTAGCTTTACTTTTGCAATATTTTATTTTATCCCATAAAAGCCTAGGAAATTGGTACT
ATGACTTTTAGTATGTTCAATTAATAGATGAAAACACAGAACTCAAAGATGTTAAATAT
GGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAAACAACAACAGGGCCTGAACCTCTGGTTTTCT
GATTTAATCTGTGACAGTGCACCTGGGTGCGCATGCATGCATACCCCCACACTTGACAA
TAGAACCTTTCCTAGTTGGCTTTGCTCCATGATGACCATTACTGTTCCCTCTACTTCAAA

FIG. 3-26

16264 CTCAAAGATGTTAAATATGGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAAACAACAACAGGGC
CTGAACTCCTGGTTTTCTGATTTAATCTGTGACAGTGCACCTGGGTGCGCATGCATGCAT
CACCCCCACACTTGCACATAGAACCTTTCCTAGTTGGCTTTGCTCCATGATGACCATTAC
TGTTCTTCTACTTCAAAATAAGCAAATTATCCTACAGATTAGAGCTGGTACAGGTGTG
CTGTCAAGCAGCCCATTCCATTAGTCAGCTTGTGGTTCCTCACATTAAAGTATTGACCT
[A,T]
AATGGTATATTTATCTAGATAATTCTACCTTGTTATTTTCAAAGCCCCAGTCTTGTTTGC
TAATTCTGTGCATCATTTTTCTCTGATTCTGAAAGGCAAAATTTGTTGGGCAATTGCTG
TAATATGAGTTTTATCTCCTTTAGAGTCGAATGGATGTGTATATGTCACATGCTCCCACT
GGTTCATCAGTACACAACATTCTGCATATAAAACAGGTAGAGTCTTAGTCATGGAAAACC
ATTCCAATCCTTATTTTCAATATATTTAAAAAGACAGAATTGACCCTGTAAACAGGCCTA

16314 ACAACAGGGCCTGAACTCCTGGTTTTCTGATTTAATCTGTGACAGTGCACCTGGGTGCGC
ATGCATGCATCACCCCCACACTTGCACATAGAACCTTTCCTAGTTGGCTTTGCTCCATGA
TGACCATTACTGTTCTTCTACTTCAAAATAAGCAAATTATCCTACAGATTAGAGCTGG
TACAGGTGTGCTGTCAAGCAGCCCATTCCATTAGTCAGCTTGTGGTTCCTCACATTAA
GTATTGACCTAAATGGTATATTTATCTAGATAATTCTACCTTGTTATTTTCAAAGCCCCA
[G,A]
TCTTGTTTGCTAATTCTGTGCATCATTTTTCTCTGATTCTGAAAGGCAAAATTTTGTTGG
GCAATTGCTGTAATATGAGTTTTATCTCCTTTAGAGTCGAATGGATGTGTATATGTCACA
TGCTCCCACTGGTTCATCAGTACACAACATTCTGCATATAAAACAGGTAGAGTCTTAGTC
ATGGAAAACCATTCCAATCCTTATTTTCAATATATTTAAAAAGACAGAATTGACCCTGTT
AACAGGCCTACCCTAAGAATCTTAAGAGCTTGCTTCCAGTTTGTCTTGCTGCCTTCTGT

16877 TAAGAGCTTGCTTCCAGTTTGTCTTGCTGCCTTCTGTATGCCTTGATTTCCCTGGAATT
TAAGAGAAAGGATGTTATGGTACAGACCAAGTAGATGACATAAATGAACACCACCTTAA
TCAGAGTTTTAAAAATAGGCCCTGAACTGAAGCAAGAGGTAACTAGGGAAGCCTCAGGA
GAACTGAGACTTCTCCAGAGAGAAGTATCTGGGATTTAACTTCTTTCTAATGAGGCTTGG
TTTTCCATGAACTTTTCTTTAAACCAAGGGGGTATTGCTCATCTTTCTGTTGAGCCCC
[A,G]
TTTGTCAATTTGTAATGAAATGGGTGGTTACATCCTTCTGGTGATCTAGGAGCCCTATTTTC
GTCCTAGCATACAGCATTTTTCTAAAATTTGCTGTTAGCTTTTCATGATTCTTACCCTAAC
TATCTTTTTCTAAAAAACATTTGTTTCAGCTTTACCACTCTGATGAATTCAGAGCTTAT
GACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAAACATTACAATCAGGTGAGCTATTTACAGTAA
CCCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATAATAAAAAATTATTTGAGGGTGAAAGACTCC

16966 AGTAGATGACATAAATGAACACCACCTTAAATCAGAGTTTTAAAAATAGGCCCTGAACTG
AAGCAAGAGGTAACTAGGGAAGCCTCAGGAGAACTGAGACTTCTCCAGAGAGAAGTATC
TGGGATTTAACTTCTTTCTAATGAGGCTTGGTTTTCCATGAACTTTTCTTTAAACCAAG
GGGGGTATTGCTCATCTTTCTGTTGAGCCCCATTTGTCATAATTGTAATGAAATGGGTGGTTA
CATCCTTCTGGTGATCTAGGAGCCCTATTTTCGTCCTAGCATACAGCATTTTTCTAAAAAT
[T,G]
TGCTGTTAGCTTTTCATGATTCTTACCCTAACTATTCTTTTTCTAAAAAACATTTGTTTCA
GCTTTACCACTCTGATGAATTCAGAGCTTATGACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAA
ACATTACAATCAGGTGAGCTATTTACAGTAACCCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATA

FIG. 3-27

ATAAAAAATTATTTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCATTTGGTGGCATTATATACTGA
TAGAACTTTTTTTTTAAAAAAATTTTAATTTTAATTTTAATTTATTTTCAGAAAAATTTATAA

17147

GGGGTATTGCTCATCTTTCTGTTGAGCCCCATTTGTCATAATTGTAAAATGGGTGGTTAC
ATCCTTCTGGTGATCTAGGAGCCCTATTTTCGTCTAGCATAACAGCATTTTTCTAAAATT
TGCTGTTAGCTTTCATGATTCTTACCCTAACTATTCTTTTTCTAAAAAACATTTGTTTCA
GCTTTACCACTCTGATGAATTCAGAGCTTATGACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAA
ACATTACAATCAGGTGAGCTATTTACAGTAACCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATA
[A,G]
TAAAAAATTATTTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCATTTGGTGGCATTATATACTGAT
AGAACTTTTTTTTTAAAAAAATTTTAATTTTAATTTTAATTTATTTTCAGAAAAATTTATAAA
TTAAAGAAGCATATACAAAGAACTTACATCATGTGTAATCCTTCCATCCAGAGATAACT
AGATGTACTAACATTTTGGTGTATTTATTCCAATTTTCTCAGTATTATATTGCTTTTAGA
CAACTTTTAATCTTTCTATTTTACTTAAGCTATAGTAAGAGATAACTAATATAACTGAGG

17219

ATCTAGGAGCCCTATTTTCGTCTAGCATAACAGCATTTTTCTAAAATTTGCTGTTAGCTT
TCATGATTCTTACCCTAACTATTCTTTTTCTAAAAAACATTTGTTTCAGCTTTACCACTC
TGATGAATTCAGAGCTTATGACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAAACATTACAATCA
GGTGAGCTATTTACAGTAACCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATAATAAAAAATTAT
TTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCATTTGGTGGCATTATATACTGATAGAACTTTTTT
[T,C]
TAAAAAAATTTTAATTTTAATTTTAATTTATTTTCAGAAAAATTTATAAATTAAAGAAGCAT
ATACAAAGAACTTACATCATGTGTAATCCTTCCATCCAGAGATAACTAGATGTACTAAC
ATTTTGGTGTATTTATTCCAATTTTCTCAGTATTATATTGCTTTTAGACAACCTTTTAATC
TTTCTATTTTACTTAAGCTATAGTAAGAGATAACTAATATAACTGAGGGATTTTAAATG
CATTTTAAATGGCTACATAATAGAAATTATTTTATAAAAAATCTTTACAGCATAAATGAAT

18628

AAAATGAAACAAAATCAACACGCACATTCAAGATCATTATGGTCAAGTACTAAAGTATGT
GAGAGTGTTAATGTCCTTAGAATTTGGCCACAGTTAGCTGGTCTACTCTGCTCCAAGCC
GGTCCTATTTTGTGAATTAATCTCATTTGATGCCAATTTTATTACATTCTCTCCAAAAA
ACTAGTCTCAACAGTTTGCTCTCTCCTCAAGTTCACAGCATTATCTCTGCTATATCTATA
TTTTATTGAGTATAAGAGAATTAACCCATGTAAGCTCCATGAGGGTAGGGATTTCTCATC
[A,G]
TTTTGTTACCAGTGTTTTCTCATCTTGAAGAGTACATGACAATTACTGGGCTCCAGTA
TCTATGTGTTGCATTAATGAAATTTCTTAACCTTAACTACCTCAAAATGTCTCTATCTT
CTTGATTCTCTCCTTCTTTCTCTATCAGAAAATGATGGTCCTCTTATTTTCCAAGTTAT
TCCGGTCTGTGCCCTTGATCCCATCTCTTCTCACTTCCCCTTCCCTCCTGCCTCCATTC
TCCTGTCCCTTATGAAAAACAAGCAAGACCATCAATTCTATCAAGTTATCATTATGTCAC

18655

TCAAGATCATTATGGTCAAGTACTAAAGTATGTGAGAGTGTTAATGTCCTTAGAATTTGG
CCACAGTTAGCTGGTCTACTCTGCTCCAAGCCGGTCCTATTTTGTGAATTAATCTCATT
TGATGCCAATTTTATTACATTCTCTCAAAAAAAGTCTCAACAGTTTGCTCTCTCCT
CAAGTTCACAGCATTATCTCTGCTATATCTATATTTTATTGAGTATAAGAGAATTAACCC
ATGTAAGCTCCATGAGGGTAGGGATTTCTCATCGTTTTGTTACCAGTGTTTTCTCATCT
[T,G]

FIG. 3-28

GAAGAGTACATGACAATTACTGGGCTCCCAGTATCTATGTGTTGCATTAATGAAATTTCT
TAACTTTAATCTACCTCAAAATGTCTCTATCTTCTTGATTCTCTCCTTCCTTTCTCTATC
AGAAAATGATGGTCTCTTATTTTCCAAGTTATTCGGTCTGTGCCCTTGATCCCCTCT
CTTCTCACTTCCCCTTCCTTCCTGCCTCCATTCTCCTGTCCCTTATGAAAAACAAGCAAG
ACCATCAATTCTATCAAGTTATCATTATGTCACTCTGTTCTTATCAACATATTTTAGTA

18984 CAGTATCTATGTGTTGCATTAATGAAATTTCTTAACTTTAATCTACCTCAAAATGTCTCT
ATCTTCTTGATTCTCTCCTTCCTTTCTCTATCAGAAAATGATGGTCTCTTATTTTCCAA
GTTATTCGGTCTGTGCCCTTGATCCCCTCTCTTCTCACTTCCCCTTCCTTCCTGCCTC
CATTCTCCTGTCCCTTATGAAAAACAAGCAAGACCATCAATTCTATCAAGTTATCATTAT
GTCACTCTGTTCTTATCAACATATTTTAGTATTGAAGAGGGCTTCTTCTACTTACTCCT
[G,T]

AACCTTGTACAATGTAGTTTAGGTCTTCATCTTTTATCATAGCTACCTTATTTAAAGTC
ACCCATGGCTTTAATTGCCAAATTCATGGCCTATCTTCACCTTTTGAAATGTGTTATG
TTCGTTACCACAGTCTCCTTGAACTCAGTCCCCTGACTTGGACTTCCATAACACAATGA
TTTCTGATTTTCTTCTGTTGTGATTGTTCTTTTGTCCAGGCACTGGCTACTCCACC
TTCCACCTCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTTCAAACTCTCTTCTTCTCT

19407 CGTTACCACAGTCTCCTTGAACTCAGTCCCCTGACTTGGACTTCCATAACACAATGATT
TCTGATTTTCTTCTGTTTGTGATTGTTCTTTTGTCCCAGGCACTGGCTACTCCACCTT
CCACCTCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTTCAAACTCTCTTCTTCTCTTG
GAGAAGTCAGCATAGCTTTAATTTGGACCATTCTATGGCTTATCTAGATTTTTCAGGA
CTTGCTTCAACCTATTCTTCTGTAGGTGATTCCATTAAGTGTGCCCATATGGTAGTC
[C,T]

GAAGACAGACCTCCGAGAAATGACCCTTGTCTCCAAACTTCCGCAATATGTCCAAATTT
CCTAGCCTGACATTCAGACTTTGATTATCTGCCTCCAAGTTATATCCTATCATATTCCT
TTATATATTCTGTTCTCCAGGTACACTGGGAAGCTTGCCATTCTGATCATAGCCTACAA
ACTCTTCTGCCTCCCACTCACCTCATCTCTGCTGTCAAATGCAACCTTCCCTCAAGA
GTCATTTACAGGACCCCTCTTCTATGAAGCCCTCAGGTGGAAATAATTTTTTGCTTT

19531 CTCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTTCAAACTCTCTTCTTCTCTTGAGA
AGTCAGCATAGCTTTAATTTGGACCATTCTATGGCTTATCTAGATTTTTCAGGACTTG
CCTTCAACCTATTCTTCTGTAGGTGATTCCATTAAGTGTGCCCATATGGTAGTCCGAA
GACAGACCTCCGAGAAATGACCCTTGTCTCCAAACTTCCGCAATATGTCCAAATTTCT
AGCCTGACATTCAGACTTTGATTATCTGCCTCCAAGTTATATCCTATCATATTCCTTTA
[T,C]

ATATTCTGTTCTCCAGGTACACTGGGAAGCTTGCCATTCTGATCATAGCCTACAACTC
TTCCTGCCTCCCACTCACCTCATCTCTGCTGTCAAATGCAACCTTCCCTCAAGAGTCA
TTTCACAGGACCCCTCTTCTATGAAGCCCTCAGGTGGAAATAATTTTTTGCTTTTTTT
CCATTTTATTTTGGAGTGTATGGCATTTAACATACCTTACTTTGTATACAAATATTT
GCCTTGCTCCCTCTTTTGCAAATTTCTTAAAGGTAGAGACCATTGTATGTTTTCTTCATA

19911 CTCATCTCTGCTGTCAAATGCAACCTTCCCTCAAGAGTCATTTACAGGACCCCTCTTT
CTATGAAGCCCTCAGGTGGAAATAATTTTTTGCTTTTTTTCCATTTATTTTGGAGTG
TTTATGGCATTTAACATACCTTACTTTGTATACAAATATTTGCCTTGCTCCCTCTTTTGC

FIG. 3-29

AAATTTCTTAAAGGTAGAGACCATTGTATGTTTTCTTCATATGTTGCTGGTGCCTAACAG
 AACTATGGCCATTGTCCACATTCATTTAGCAGCCTTTGTAGTTATTGCTTTGAGGAGCTT
 [C,T]
 CTCTCATGAATGCCCTTGCTTTCTCTCCACAGAGTCATCCCCCTATATATGACCTGACT
 GCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTTGGGCTGGTGGACATGATGTCCTCGTAACACCCAG
 GATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGAGTCTTCATTACTTTAAGCTATTGCCAGAT
 TGGAACTTGTATTTGTCTGGGGCCTCGATGCCCCCAACGGATGTACAGTGAAATC
 ATAGCTTTAATGAAGGCATATTCCTAAATGCAATGCATTTACTTTTCAATTAAGTTGC

20199

TTTGAGGAGCTTCCTCTCATGAATGCCCTTGCTTTCTCTCCACAGAGTCATCCCCCTAT
 ATATGACCTGACTGCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTTGGGCTGGTGGACATGATGTCCT
 CGTAACACCCAGGATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGAGTCTTCATTACTTTAA
 GCTATTGCCAGATTGGAACCACTTTGATTTTGTCTGGGGCCTCGATGCCCCCAACGGAT
 GTACAGTGAAATCATAGCTTTAATGAAGGCATATTCCTAAATGCAATGCATTTACTTTTC
 [A,G]
 ATTAAAAGTTGCTTCCAAGCCCATAAGGGACTTTAGAAAAAATGGTAACCAACAATGAGG
 TTGTCCCCCAGCACCTGGGGGAGATGCACAGTGGAGTCTGTTTTCCAAGTCAATTGTGT
 TAGTGTTATTTATGTTTAGAGACATCTTTCATGGGACCATCTACAGTCTTATAAACA
 ATGAGGTAGATTAGGCAAAAAGATAAACAAGTTGCTACTCTATCTGGCATTAAAGTCTAA
 TTAAATTGTAATTTTAGGGCATACCATGAAGTATAGAAATGTCTGAAGCTTCAAAGGAA

20243

AGAGTCATCCCCCTATATATGACCTGACTGCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTTGGGCTG
 GTGGACATGATGTCCTCGTAACACCCAGGATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGA
 GTCTTCATTACTTTAAGCTATTGCCAGATTGGAACCACTTTGATTTTGTCTGGGGCCTCG
 ATGCCCCCAACGGATGTACAGTGAAATCATAGCTTTAATGAAGGCATATTCCTAAATGC
 AATGCATTTACTTTTCAATTAAGTTGCTTCCAAGCCCATAAGGGACTTTAGAAAAAAT
 [G,A]
 GTAACCAACAATGAGGTTGTCCCCCAGCACCTGGGGGAGATGCACAGTGGAGTCTGTTT
 TCCAAGTCAATTGTGTTAGTGTTATTTATGTTTAGAGACATCTTTCATGGGACCATCTA
 CAGGTCCTTATAAACAATGAGGTAGATTAGGCAAAAAGATAAACAAGTTGCTACTCTATC
 TGGCATTAAAGTCTAATTAAATTGTAATTTTAGGGCATACCATGAAGTATAGAAATGTC
 TGAAGCTTCAAAGGAACAGTGAAATTCCTTAAGGTCCTATATGGAAACCTCTGTTGTCA

20640

GACATCTTTGCATGGGACCATCTACAGGTCTTATAAACAATGAGGTAGATTAGGCAAAA
 AGATAAACAAGTTGCTACTCTATCTGGCATTAAAGTCTAATTAAATTGTAATTTTAGGG
 CATACCATGAAGTATAGAAATGTCTGAAGCTTCAAAGGAACAGTGAAATTCCTTTAAGGT
 CCTATATGGAAACCTCTGTTGTCAATTTATTTATATGGATTGCTATGGCAATGGACAGAG
 TGTGGGATTAGGAGGAGGGCCTGTAACCTCTTTATAAAAGTTTCTTAGCTATCCTGAAGA
 [T,C]
 GTATAGACATTTTACTTTTTTAGGTATTTCAACATCAGAAATTCAAAAAGTCCCCAA
 AGATTCTTCCAGAGAAGCCCTCTTTCTTACAATCTATCCCTGGCTATCTGCGTAAACG
 GAATCTTGAACCCATAATAGGATACATGTATAAAATCTTCCTTATTAAAGCAGAAATAAA
 TTGTACAGCATCAATATCATTTTATAATCATAGGGAGGCTTCTTTGTTTAGCATGTAATG
 CCCCCTTACAGGCTTTTGTCTTTGAGGGGTTTGAACATTCCATGAAAACTGACAGA

FIG. 3-30

- 21156 AGGCTTCTTTGTTTAGCATGTAATGCCCCCTTTACAGGCTTTTTGTTCTTTGAGGGGTTT
GAACATTCCATGAAAACTGACAGATAGGAACTGACAATAAAAGATTGAGCTAAAGATG
GAAGCAGAAAGTACTAGGCTAGATAGTCTCTAAACATTAAGTATTTTCTTCCTCCATCTT
AAAAGCAATGAGAAGCCACCAAAATATTTTACCTAATGGAAACCTGATTGCCGCATTTTT
GTAACCACCACTTTGGCTGCTACATAGAGAATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCT
[G, C]
AGCAAGTCTGTAAATCTGATCAAGTGTTCTGATGCAGGCTGATATCCTTCTGTGCTAAGA
GAGATGATCCTTGAAAAATCCAGAGCCAGCTCCATAATACTTTCCTGCTCTGCTGGCAAA
TCCACAAGCTGCTGGCCCCTGGAGCCATTCTTCTCTCAAACTAGCATTATCAATTTAA
TGTATACGTATTGATGGGGAATAATGGTCACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAA
TACCCATGATATAATGTTATGTGAAGAGAAGAAAATGAACTGGTAGAACTATGTGATTG
- 21163 TTTGTTTAGCATGTAATGCCCCCTTTACAGGCTTTTTGTTCTTTGAGGGGTTTGAACATT
CCATGAAAACTGACAGATAGGAACTGACAATAAAAGATTGAGCTAAAGATGGAAGCAG
AAAGTACTAGGCTAGATAGTCTCTAAACATTAAGTATTTTCTTCCTCCATCTTAAAGCA
ATGAGAAGCCACCAAAATATTTTACCTAATGGAAACCTGATTGCCGCATTTTTGTAACCA
CCACTTTGGCTGCTACATAGAGAATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCTGAGCAAG
[A, T]
CTGTAAATCTGATCAAGTGTTCTGATGCAGGCTGATATCCTTCTGTGCTAAGAGAGATGA
TCCTTGAAAAATCCAGAGCCAGCTCCATAATACTTTCCTGCTCTGCTGGCAAATCCACAA
GCTGCTGGCCCCTGGAGCCATTCTTCTCTCAAACTAGCATTATCAATTTAATGTATAC
GTATTGATGGGGAATAATGGTCACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAAATACCCAT
GATATAATGTTATGTGAAGAGAAGAAAATGAACTGGTAGAACTATGTGATTGCAAATAT
- 21425 AATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCTGAGCAAGTCTGTAAATCTGATCAAGTGTT
CTGATGCAGGCTGATATCCTTCTGTGCTAAGAGAGATGATCCTTGAAAAATCCAGAGCCA
GCTCCATAATACTTTCCTGCTCTGCTGGCAAATCCACAAGCTGCTGGCCCCTGGAGCCAT
TCTTCTCTCAAACTAGCATTATCAATTTAATGTATACGTATTGATGGGGAATAATGGT
CACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAAATACCCATGATATAATGTTATGTGAAGAG
[G, A]
AGAAAAATGAACTGGTAGAACTATGTGATTGCAAATATATACAAATATTTAAACAATTAT
ATGACTTTATAAAATATTTGTATATAATGAAACTGAAGCAATATAAAAAATAAAATTAG
TTGTGTCAGGGTAGTAACATGATGAGTGATTAATAGTTTTTAATTTTAAATATAGTAATG
ACATAATGTTACAACCTGTCCAAATCTCACAACATAATATTAGTAAAGGAAGATAAAC
ATAAAAGAATACATATTTTATTATACATTTTTATGTAGGCTAATTGATGGTTCTGAAAGC

Chromosome map:
Chromosome 10

FIG. 3-31